

This Page Is Inserted by IFW Operations  
and is not a part of the Official Record

## **BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning documents *will not* correct images,  
please do not report the images to the  
Image Problem Mailbox.**



日 本 国 特 許 庁

PATENT OFFICE  
JAPANESE GOVERNMENT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日

Date of Application:

2000年 8月 3日

出 願 番 号

Application Number:

特願2000-280988

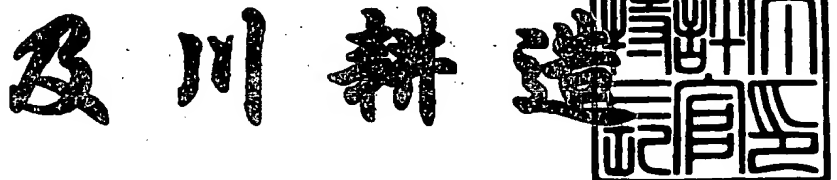
出 願 人

Applicant (s):

協和醗酵工業株式会社

2001年 3月 2日

特許庁長官  
Commissioner,  
Patent Office



出証番号 出証特2000-3104459

本証明書には以下のCD-Rが付属している。

ファイル名 : H A I O O 1 . t x t

ファイルサイズ : 8 . 9 9 M B (9,427,086byte)

記録日 : 2 0 0 0 年 8 月 1 日

ファイル名 : H A I O O 2 . t x t

ファイルサイズ : 8 . 2 9 M B (8,700,908byte)

記録日 : 2 0 0 0 年 8 月 1 日

ファイル名 : H A I O O 3 . t x t

ファイルサイズ : 7 . 6 7 M B (8,051,739byte)

記録日 : 2 0 0 0 年 8 月 1 日

【書類名】 特許願

【整理番号】 H12-1381J5

【提出日】 平成12年 8月 3日

【あて先】 特許庁長官殿

【国際特許分類】 C12N 15/09

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町 3 丁目 6 番 6 号 協和醗酵工業株式会  
社 東京研究所内

【氏名】 中川 智

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町 3 丁目 6 番 6 号 協和醗酵工業株式会  
社 東京研究所内

【氏名】 溝口 寛

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町 3 丁目 6 番 6 号 協和醗酵工業株式会  
社 東京研究所内

【氏名】 安藤 聖子

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町 3 丁目 6 番 6 号 協和醗酵工業株式会  
社 東京研究所内

【氏名】 林 幹朗

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町 3 丁目 6 番 6 号 協和醗酵工業株式会  
社 東京研究所内

【氏名】 落合 恵子

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町 3 丁目 6 番 6 号 協和醗酵工業株式会  
社 東京研究所内

【氏名】 横井 治彦



【発明者】

【住所又は居所】 山口県防府市協和町 1 番 1 号 協和醗酵工業株式会社  
技術研究所内

【氏名】 尾崎 明夫

【特許出願人】

【識別番号】 000001029

【氏名又は名称】 協和醗酵工業株式会社

【代表者】 平田 正

【先の出願に基づく優先権主張】

【出願番号】 平成11年特許願第377484号

【出願日】 平成11年12月16日

【先の出願に基づく優先権主張】

【出願番号】 特願2000-159162

【出願日】 平成12年 4月 7日

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 008187

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 新規ポリヌクレオチド

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 コリネバクテリウム属に属する微生物の変異株由来遺伝子について、該遺伝子の変異点の同定または該遺伝子の発現量を解析するための、または、被検遺伝子に相同な遺伝子がコリネバクテリウム属に属する微生物で存在するかを解析するための、下記 (a) ~ (d) の工程を有する方法。

(a) 配列番号 1 ~ 3 4 8 5 のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチド、または該ポリペプチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド、またはこれらポリペプチドの有する塩基配列中の連続する少なくとも 4 ~ 2 0 0 塩基からなる配列を有するポリヌクレオチドを 1 以上固体支持体に固着し、ポリヌクレオチドアレイを作製する工程

(b) (a) の工程で作製されたポリヌクレオチドアレイを用い、該ポリヌクレオチドアレイに固着されたポリヌクレオチドと標識化されたコリネバクテリウム属に属する微生物の変異株由来遺伝子または被検遺伝子とをハイブリダイズ条件下でインキュベートする工程

(c) ハイブリダイゼーションを検出する検出工程

(d) ハイブリダイゼーション結果を解析する解析工程

【請求項 2】 コリネバクテリウム属に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) に属する微生物またはその類縁微生物である請求項 1 記載の方法。

【請求項 3】 コリネバクテリウム属に属する微生物の変異株由来遺伝子または被検遺伝子が、アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の生合成に関わる遺伝子である請求項 1 記載の方法。

【請求項 4】 配列番号 1 ~ 3 4 8 5 のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチド。

【請求項 5】 配列番号 1 ~ 3 4 8 5 のいずれかに示されるポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド。

【請求項 6】 請求項 4 または 5 に記載のポリヌクレオチドの有する塩基配列中の連続する少なくとも 4 ～ 2 0 0 塩基からなる配列を有するポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドと相補的な配列を有するポリヌクレオチド。

【請求項 7】 配列番号 1 に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドにおいて、配列番号 2 ～ 3 4 8 5 から選ばれる塩基配列を有するポリヌクレオチドの 5' 上流または 3' 下流に位置し、該ポリペプチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチド。

【請求項 8】 請求項 7 記載のポリヌクレオチドとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつポリペプチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチド。

【請求項 9】 請求項 4 ～ 8 のいずれか 1 項に記載のポリヌクレオチドを固体支持体に固着したポリヌクレオチドアレイ。

【請求項 1 0】 請求項 4 ～ 6 のいずれか 1 項に記載のポリヌクレオチドを含む組換えベクター。

【請求項 1 1】 請求項 4 ～ 6 のいずれか 1 項に記載のポリヌクレオチドまたは請求項 1 0 記載の組換えベクターを含む形質転換体。

【請求項 1 2】 請求項 1 1 記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中に請求項 4 ～ 6 のいずれか 1 項に記載のポリヌクレオチドにコードされるポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から該ポリペプチドを採取することを特徴とする該ポリペプチドの製造方法。

【請求項 1 3】 請求項 1 1 記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中にアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種を生成蓄積させ、該培養物からアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種を採取することを特徴とするアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体の製造法。

【請求項 1 4】 配列番号 2 ～ 3 4 8 5 のいずれかに示される塩基配列を有するポリヌクレオチドにコードされるポリペプチド。

【請求項 1 5】 配列番号 3 4 8 6 ～ 6 9 6 9 のいずれかに示されるアミノ酸配列を有するポリペプチド。

【請求項 1 6】 請求項 1 4 または 1 5 記載のポリペプチドのアミノ酸配列において 1 以上のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ該ポリペプチドの活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド。

【請求項 1 7】 配列番号 3 4 8 6 ～ 6 9 6 9 のいずれかに示されるアミノ酸配列と 6 0 % 以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつ該ポリペプチドの活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド。

【請求項 1 8】 請求項 1 4 ～ 1 7 のいずれか 1 項に記載のポリペプチドを認識する抗体。

【請求項 1 9】 請求項 1 8 に記載の抗体を固体支持体に固着したポリペプチドアレイ。

【請求項 2 0】 (i)配列番号 1 ～ 3 4 8 5 から選ばれる 1 以上の塩基配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力手段、

(ii)入力された情報を記憶するためのデータ記憶手段、

(iii)(i)のデータ記録手段により記録された、配列番号 1 ～ 3 4 8 5 から選ばれる 1 以上の塩基配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較し、標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似する塩基配列情報を検索または解析するソフトウェア手段、および

(iv)(iii)のソフトウェア手段により得られた検索または解析結果を表示するための出力手段

を備えたことを特徴とする、コリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するためのコンピュータに基づくシステム。

【請求項 2 1】 (i)配列番号 3 4 8 6 ～ 6 9 6 9 から選ばれる 1 以上のアミノ酸配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力手段、

(ii)入力された情報を記憶するためのデータ記憶手段、

(iii)(i)のデータ記録手段により記録された、配列番号 3 4 8 6 ～ 6 9 6 9 から選ばれる 1 以上のアミノ酸配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較し、標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似するアミノ

酸配列情報を検索または解析するソフトウェア手段、および

(iv)(iii)のソフトウェア手段により得られた検索または解析結果を表示するための出力手段

を備えたことを特徴とする、コリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するためのコンピュータに基づくシステム。

【請求項 2 2】 コリネバクテリウム属に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) に属する微生物である請求項 2 0 または 2 1 記載のシステム。

【請求項 2 3】 コリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032である請求項 2 2 項記載のシステム。

【請求項 2 4】 配列番号 1 ~ 3 4 8 5 から選ばれる 1 以上の塩基配列情報を記録したコンピュータで読み取り可能な記録媒体であって、請求項 2 0 記載のシステムに用いることのできる記録媒体。

【請求項 2 5】 配列番号 3 4 8 6 ~ 6 9 6 9 から選ばれる 1 以上のアミノ酸配列情報を記録したコンピュータで読み取り可能な記録媒体であって、請求項 2 1 記載のシステムに用いることのできる記録媒体。

【請求項 2 6】 コンピューターで読み取り可能な媒体が、フロッピーディスク、ハードディスク、磁気テープ、ランダムアクセスメモリ (RAM)、読み出し専用メモリ (ROM)、磁気光学ディスク (MO)、CD-ROM、CD-R、CD-RW、DVD-ROM、DVD-RAMおよびDVD-RWからなる群から選ばれる請求項 2 4 または 2 5 記載のコンピュータで読み取り可能な記録媒体

【発明の詳細な説明】

【 0 0 0 1 】

【発明の属する技術分野】

本発明はコリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物由来のポ

リヌクレオチドおよびその断片、該ポリヌクレオチドおよびその断片よりコードされるポリペプチド、該ポリヌクレオチドおよびその断片を含むポリヌクレオチドアレイ、該ポリヌクレオチドおよびその断片の塩基配列を記録したコンピュータで読みとり可能な媒体およびそれらの使用に関する。

#### 【0002】

##### 【従来の技術】

コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) はグルタミン酸生産菌として同定されたグラム陽性バクテリアであり、その変異株により多くのアミノ酸が生産されている。例えば、旨味調味料として有用なL-グルタミン酸は全世界で年間100万トン、家畜飼料の添加物等に重要なL-リジンは年間25万トン、それ以外にもL-アルギニン、L-プロリン、L-グルタミン、L-トリプトファン等のアミノ酸がこの菌により各々年間数百トン以上のスケールで生産されている（日経バイオ年鑑99、日経BP社製、1998）。また、コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*)、およびその類縁微生物（例えば、マイクロバクテリウム・アンモニアフィルム）ではアミノ酸以外にも、核酸、ビタミン、糖（例えばリブローズ）、有機酸（例えばピルビン酸）、および上記物質の類縁体（例えばN-アセチルアミノ酸）等の様々な有用物質の生産変異株が知られている。

#### 【0003】

このように、コリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物およびその類縁微生物はアミノ酸の製造を中心に、産業上非常に有用な微生物である。

コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) によるアミノ酸生産は、おもに代謝経路およびその調節機構が変化した変異株（代謝変異株）により行われている。一般に生物は、必要量以上のアミノ酸を作らないように、さまざまな代謝調節機構を有している。例えば、L-リジンの生合成において、コリネバクテリウム (*Corynebacterium*) では、リジンおよびスレオニン、メチオニンの共通生合成酵素アスパルトキナーゼに対するリジンとスレオニンによる協奏的な活性阻害により、過剰生産が起らないように調節されている [Shi i

ら、J. Biochem. 65:849-859 (1969) ]。またアルギニンについては、その生合成酵素の発現量がアルギニンにより抑制され、過剰生産が起こらないように調節されている [Sakanyanら、Microbiology 142:99-108 (1996)]。アミノ酸生産変異株では、このような代謝調節機構が解除されていると考えられている。核酸、ビタミン、糖、有機酸、および上記物質の類縁体等の生産変異株についても同様に代謝制御の解除により目的産物の生産性を向上させている。

## 【0004】

しかしながら、大腸菌や枯草菌等と比べて、コリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物およびその類縁微生物に関しては、基本的な遺伝学的、生化学的、分子生物学的な知識の集積が十分とは言えず、アミノ酸生産変異株における変異遺伝子についても、ごくわずかな知見しかない。

## 【0005】

このように、これら微生物においてははまだ知られていないさまざまな生育、および代謝調節機構が存在している。

コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株に関しては、染色体の物理地図が作成され、ゲノムサイズが約3100キロベースであることが報告されている [Batheら、Mol. Gen. Genet. 252:255-265 (1996)]。通常のバクテリアの遺伝子密度から算定すると、この約3100キロベースのゲノム中には約3000の遺伝子が存在すると予想されが、コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) では、アミノ酸生合成遺伝子を中心として百程度の遺伝子しか知られておらず、大部分の遺伝子について塩基配列はいまだ解明されていない。

## 【0006】

近年、いくつかの微生物、例えば大腸菌、結核菌、酵母等についてそのゲノムの全塩基配列決定が報告されている [Blattnerら、Science 277:1453-62 (1997) ; Coleら、Nature 393:537-544 (1998) ; Goffeauら、Nature 387:5-105 (1997) ]。決定された全塩基配列に基づき、遺伝子領域の推定、公知の遺伝子との塩基配列と比較が行われており、遺伝学的、生化学的、分子生物学的な実験をすることなく、膨大な数の遺伝子の機能の推定がなされている。

【0007】

また近年、遺伝子あるいは遺伝子領域以外のゲノム領域の部分核酸断片を固体支持体に固着したDNAチップあるいはDNAアレイ等を用い、膨大な数の遺伝子について発現状況を同時に見たり、変異を検出する技術が開発され、酵母、結核菌、およびBCGワクチンに用いられるMycobacterium bovis等の微生物の解析に成果を上げている〔DeRisiら、*Science* 278:680-686 (1997)；Wilsonら、*Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96:12833-38 (1999)；Behrら、*Science* 284:1520-23 (1999)〕。

【0008】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、産業上有用なコリネバクテリウムに属する微生物由来のポリヌクレオチドおよびポリペプチド、該ポリヌクレオチドおよびポリペプチドの配列情報、該微生物の解析方法、該解析に用いる装置およびシステム、および該微生物の育種法を提供することにある。

【0009】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは、コリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物由来の全塩基配列を決定することにより、未だ同定されていない遺伝子領域の特定、公知遺伝子の塩基配列との比較による該微生物由来の未知遺伝子の機能推定、該微生物による有用生産物の代謝調節機構の推定による有用な生産変異株の取得が可能と考え鋭意研究を重ねた結果、全ゲノムショットガン法を適用することによりコリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) のゲノムの全ての塩基配列を決定することができ、本発明を完成するに至った。

【0010】

即ち、本発明は、以下の(1)～(26)に関する。

(1) コリネバクテリウム属に属する微生物の変異株由来遺伝子について、該遺伝子の変異点の同定または該遺伝子の発現量を解析するための、または、被検遺伝子に相同な遺伝子がコリネバクテリウム属に属する微生物で存在するかを解析するための、下記(a)～(d)の工程を有する方法。



【0011】

(a) 配列番号 1～3485 のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチド、または該ポリペプチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド、またはこれらポリペプチドの有する塩基配列中の連続する少なくとも 4～200 塩基からなる配列を有するポリヌクレオチドを 1 以上固体支持体に固着し、ポリヌクレオチドアレイを作製する工程

(b) (a) の工程で作製されたポリヌクレオチドアレイを用い、該ポリヌクレオチドアレイに固着されたポリヌクレオチドと標識化されたコリネバクテリウム属に属する微生物の変異株由来遺伝子または被検遺伝子とをハイブリダイズ条件下でインキュベートする工程

(c) ハイブリダイゼーションを検出する検出工程

(d) ハイブリダイゼーション結果を解析する解析工程

(2) コリネバクテリウム属に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) に属する微生物またはその類縁微生物である (1) 記載の方法。

【0012】

(3) コリネバクテリウム属に属する微生物の変異株由来遺伝子または被検遺伝子が、アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の生合成に関わる遺伝子である (1) 記載の方法。

【0013】

(4) 配列番号 1～3485 のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチド。

(5) 配列番号 1～3485 のいずれかに示されるポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド。

【0014】

(6) (4) または (5) に記載のポリヌクレオチドの有する塩基配列中の連続する少なくとも 4～200 塩基からなる配列を有するポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドと相補的な配列を有するポリヌクレオチド。

(7) 配列番号 1 に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドにおいて、

配列番号 2～3485 から選ばれる塩基配列を有するポリヌクレオチドの 5' 上流または 3' 下流に位置し、該ポリペプチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチド。

【0015】

(8) (12) 記載のポリヌクレオチドとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつポリペプチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチド。

(9) (4)～(8) のいずれか 1 つに記載のポリヌクレオチドを固体支持体に固着したポリヌクレオチドアレイ。

【0016】

(10) (4)～(6) のいずれか 1 つに記載のポリヌクレオチドを含む組換えベクター。

(11) (4)～(6) のいずれか 1 つに記載のポリヌクレオチドまたは (10) 記載の組換えベクターを含む形質転換体。

【0017】

(12) (11) 記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中に (4)～(6) のいずれか 1 つに記載のポリヌクレオチドにコードされるポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から該ポリペプチドを採取することを特徴とする該ポリペプチドの製造方法。

【0018】

(13) (11) 記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中にアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種を生成蓄積させ、該培養物からアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種を採取することを特徴とするアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体の製造法。

【0019】

(14) 配列番号 2～3485 のいずれかに示される塩基配列を有するポリヌクレオチドにコードされるポリペプチド。

(15) 配列番号 3486～6969 のいずれかに示されるアミノ酸配列を

有するポリペプチド。

【0020】

(16) (14) または (15) 記載のポリペプチドのアミノ酸配列において1以上のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ該ポリペプチドの活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド。

(17) 配列番号3486～6969のいずれかに示されるアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつ該ポリペプチドの活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド。

【0021】

(18) (14) ～ (17) のいずれか1つに記載のポリペプチドを認識する抗体。

(19) (18) に記載の抗体を固体支持体に固着したポリペプチドアレイ。

【0022】

(20) (i)配列番号1～3485から選ばれる1以上の塩基配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力手段、

(ii)入力された情報を記憶するためのデータ記憶手段、

(iii)(i)のデータ記録手段により記録された、配列番号1～3485から選ばれる1以上の塩基配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較し、標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似する塩基配列情報を検索または解析するソフトウェア手段、および

(iv)(iii)のソフトウェア手段により得られた検索または解析結果を表示するための出力手段

を備えたことを特徴とする、コリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するためのコンピュータに基づくシステム。

【0023】

(21) (i)配列番号3486～6969から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力手段

(ii)入力された情報を記憶するためのデータ記憶手段、

(iii)(i)のデータ記録手段により記録された、配列番号3486～6969から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較し、標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似するアミノ酸配列情報を検索または解析するソフトウェア手段、および

(iv)(iii)のソフトウェア手段により得られた検索または解析結果を表示するための出力手段

を備えたことを特徴とする、コリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するためのコンピュータに基づくシステム。

【0024】

(22) コリネバクテリウム属に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) に属する微生物である(20)または21記載のシステム。

(23) コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) に属する微生物がコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032である(22)項記載のシステム。

【0025】

(24) 配列番号1～3485から選ばれる1以上の塩基配列情報を記録したコンピューターで読み取り可能な記録媒体であって、(20)記載のシステムに用いることのできる記録媒体。

(25) 配列番号3486～6969から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報を記録したコンピューターで読み取り可能な記録媒体であって、(21)記載のシステムに用いることのできる記録媒体。

【0026】

(26) コンピューターで読み取り可能な媒体が、フロッピーディスク、ハードディスク、磁気テープ、ランダムアクセスメモリ(RAM)、読み出し専用メモリ(ROM)、磁気光学ディスク(MO)、CD-ROM、CD-R、CD

-RW、DVD-ROM、DVD-RAMおよびDVD-RWからなる群から選ばれる(24)または(25)記載のコンピュータで読み取り可能な記録媒体。

【0027】

【発明の実施の形態】

以下、コリネバクテリウム (Corynebacterium) に属する微生物の全塩基配列決定に基づいて、本発明を詳細に説明する。

1. コリネバクテリウム (Corynebacterium) に属する微生物の全塩基配列決定

コリネバクテリウム (Corynebacterium) に属する微生物とは、Bergeys Manual of Determinative Bacteriology第8版599頁(1974)に定義される一群の微生物であり、グラム陽性、好気性、非抗酸性、孢子形成能を有しない桿菌である。

【0028】

また、本発明でいうコリネバクテリウムに属する微生物としては、従来ブレビバクテリウム属に分類されていたが現在コリネバクテリウム属として統合された細菌を含み、またコリネバクテリウム属細菌と非常に近縁なブレビバクテリウム (Brevibacterium) 属またはミクロバクテリウム (Microbacterium) 属細菌を含む。

【0029】

具体的には、コリネバクテリウム・アセトアシドフィルム (Corynebacterium acetoacidophilum) ATCC13870、コリネバクテリウム・アセトグルタミクム (Corynebacterium acetoglutamicum) ATCC15806、コリネバクテリウム・カルナエ (Corynebacterium callunae) ATCC15991、コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032、ATCC13060、ATCC13826 (旧属種ブレビバクテリウム・フラバム)、ATCC14020 (旧属種プレバクテリウム・ディバリカタム)、ATCC13869 (旧属種ブレビバクテリウム・ラクトフェルメンタム)、コリネバクテリウム・ハーキュリス (Corynebacterium herculis) ATCC13868、コリネバクテリウム・リリウム (Corynebacterium lilium) ATCC

15990、コリネバクテリウム・メラセコーラ (Corynebacterium melassecola) ATCC 17965、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネス (Corynebacterium thermoaminogenes) AJ 12340、プレビバクテリウム・サッカロリ  
 ティクム (Brevibacterium saccharolyticum) ATCC 14066、プレビバク  
 テリウム・インマリオフィルム (Brevibacterium immariophilum) ATCC 14  
 068、プレビバクテリウム・ロゼウム (Brevibacterium roseum) ATCC 1  
 3825、プレビバクテリウム・チオゲニタリス (Brevibacterium thiogenitalis) ATCC 19240、ミクロバクテリウム・アンモニアフィラム (Microbac  
 terium ammoniaphilum) ATCC 15354等を挙げることができる。

【0030】

(1) コリネバクテリウム (Corynebacterium) に属する微生物のゲノムDNAの調製

コリネバクテリウムに属する微生物を通常の方法により培養する。

培地として、該微生物が資化し得る炭素源、窒素源、無機塩類等を含有し、該微生物の培養を効率的に行える培地であれば天然培地、合成培地のいずれも用いることができる。

【0031】

例えば、コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) では、該培地として、1%グリシンを含むBY培地 (肉エキス7g/L、ペプトン10g/L、塩化ナトリウム3g/L、酵母エキス5g/L、pH 7.2) 等を挙げることができる。  
 件としては、25~35℃で終夜培養する条件を挙げることができる。

【0032】

培養後、培養液より、遠心分離により菌体を回収する。得られた菌体を洗浄液で洗浄する。

該洗浄液として、例えば、STEバッファー [10.3% sucrose, 25 mmole/L Tris 塩酸塩、25 mmole/Lエチレンジアミン四酢酸(以下、EDTAと略記)、pH 8.0] 等を挙げることができる。

【0033】

該洗浄菌体を、5~20 mg/mlのリゾチームを含む洗浄液に懸濁し、振とう後、5

～20% SDSを添加し溶菌させる。振とうは通常、25～40℃で、30分～2時間緩やかに行う。振とう後に60～70℃で5～15分間保持させることにより溶菌させることができる。

【 0 0 3 4 】

溶菌後、常温まで冷却し、5～20 mlのTris中和フェノールを加え、室温で15～45分間緩やかに振とうする。

振とう後、遠心分離（15,000×g、20分間、20℃）を行い、水層を分取する。

同様の操作でフェノール/クロロホルム抽出、クロロホルム抽出（2回）を行った後、水層に1/10量の3 mole/L酢酸ナトリウム溶液（pH 5.2）、2倍量のイソプロパノールを加え、緩やかに混和し、ゲノムDNAを沈殿させる。

【 0 0 3 5 】

再びゲノムDNAを0.01～0.04 mg/mlのRNaseを含む緩衝液に溶解する。該緩衝液として、例えば、TEバッファー（10 mmole/L Tris塩酸塩、1 mmole/L EDTA、pH 8.0）を挙げることができる。溶解後、25～40℃で20～50分間保持した後、上記と同様にフェノール抽出、フェノール/クロロホルム抽出、クロロホルム抽出を行う。

【 0 0 3 6 】

抽出後、イソプロパノール沈殿を行い、生じたゲノムDNA沈殿を70%エタノールで3回洗浄した後、風乾し、1.25 mlのTEバッファーに溶解することにより、ゲノムDNA溶液を取得することができる。

（2）ショットガンライブラリーの作製

上記（1）で調製したコリネバクテリウムに属する微生物のゲノムDNA 0.01 mgを、全量0.4 mlになるように、TEバッファー等の緩衝液を加え、ソニケーター（yamato powersonic model 50）を用い、1～10 kbの断片に分断する。ソニケーターの処理条件としては、出力20で連続5秒間処理する条件を挙げることができる。

【 0 0 3 7 】

得られたゲノムDNA断片の末端を、DNAブランディングキット（宝酒造社製）等を用いて平滑化する。

平滑化したゲノム断片を、6%ポリアクリルアミドゲル電気泳動により分画し、1~2kbのゲノム断片をゲルから切り出す。

【 0 0 3 8 】

該ゲルに、DNA溶出用の緩衝液、例えばMG溶出バッファー (0.5 mole/L 酢酸アンモニウム、10 mmole/L 酢酸マグネシウム、1 mmole/L EDTA、0.1% SDS) 等を0.2~0.5ml加え、25~40℃で終夜振とうしてDNAを溶出する。

該DNA溶出液をフェノール/クロロホルム処理後、エタノール沈殿しゲノムライブラリーインサートを取得する。

【 0 0 3 9 】

該インサートを、T4リガーゼ (宝酒造社製)等を用いて、適当なベクター、例えばpUC18 SmaI/BAP (Amersham Pharmacia Biotech社製)等にライゲーションする。ライゲーション条件としては、10~20℃で、20~50時間放置する条件を挙げることができる。

【 0 0 4 0 】

得られたライゲーション反応物をエタノール沈殿し、5~20  $\mu$ lのTEバッファーに溶解する。

該ライゲーション溶液0.5~2  $\mu$ lを、30~50  $\mu$ l大腸菌ELECTRO MAX DH10B (Life Technologies社製) 溶液に添加し、添付実験書に示された条件で、エレクトロポレーションにより導入する。

【 0 0 4 1 】

得られた形質転換体をアンピシリン0.1 mg/ml、X-gal 0.1 mg/ml、イソプロピル  $\beta$ -D-チオガラクトピラノシド (IPTG) 1 mmole/Lを含むLB平板培地〔寒天を1.6%含むLB培地 (バクトトリプトン10g/L、酵母エキス5g/L、塩化ナトリウム10g/L、pH7.0)〕に塗布し、25~40℃で10~24時間培養する。

【 0 0 4 2 】

該平板培地上に形成されたコロニーより得られた形質転換体を、アンピシリン0.1 mg/mlを含むLB培地0.05 mlを添加した96穴タイタープレート中で、25~40℃、10~24時間静置培養する。

培養後、得られた培養液を下記実験に用いる。また該培養液に20%グリセロー



ルを含むLB培地を0.05 ml加え、攪拌してグリセロールストックを調製することにより、該グリセロールストックを-80℃保存し、用事に用いることができる。

## 【 0 0 4 3 】

## (3) コスミドライブラリーの作成

上記(1)で調製したコリネバクテリウムに属する微生物のゲノムDNA 0.1 mgを、Sau3AI(宝酒造社製)で部分消化し、10% および40% sucroseバッファー (1 mole/L NaCl、20 mmole/L Tris塩酸塩、5 mmole/L EDTA、10%又は40% sucrose、pH8.0) を用いて作製した10-40%ショ糖密度勾配を用いて、超遠心分離 (26,000rpm、18時間、20℃) を行う。

## 【 0 0 4 4 】

遠心分離後、該分離液を1mlずつチューブに分取し、アガロースゲル電気泳動で各画分のDNA断片長を確認した後、40kbのDNA断片を多く含む画分をエタノール沈殿する。

得られたDNA断片をsuperCos1(Stratagene社製)のBamHI部位に、添付実験手順書に従い連結する。

## 【 0 0 4 5 】

得られた連結産物を、Gigapack III Gold Packaging Extract (Stratagene社製)を用いて、添付実験手順書に従い、大腸菌XL1-BlueMR (Stratagene社製)株に導入する。

得られた形質転換体をアンピシリン0.1 mg/mlを含むLB平板培地に塗布し、25～40℃で10～24時間培養する。

## 【 0 0 4 6 】

該平板培地上に形成されたコロニーより得られた形質転換体を、アンピシリン0.1 mg/mlを含むLB培地0.05 mlを添加した96穴タイタープレート中で、25～40℃、10～24時間静置培養する。

培養後、得られた培養液を下記実験に用いる。また該培養液に20%グリセロールを含むLB培地を0.05 ml加え、攪拌してグリセロールストックを調製することにより、該グリセロールストックを冷蔵保存し、用事に用いることができる。

## 【 0 0 4 7 】

#### (4) 塩基配列の決定

##### (4-1) 鋳型の調製

コリネバクテリウムに属する微生物の全塩基配列は、全ゲノムショットガン法 [ Science, 269, 496-512 (1995) ] を基本として決定することができる。

##### 【0048】

全ゲノムショットガン法で用いる鋳型としては、上記(2)で調製したライブラリーを用い、PCRにより調製することができる [DNA Research, 5, 1-9 (1998) ]。

具体的には、以下の方法で鋳型を調製することができる。

##### 【0049】

アンピシリン0.1 mg/mlを含むLB培地をウェルあたり0.08 mlずつ分注した96穴タイタープレートの各ウェルに全ゲノムショットガンライブラリー由来クローンをレプリケーター (GENETIX社製) で植菌し、37℃で終夜静置培養を行う。

該培養液を、TaKaRa Ex Taq (宝酒造社製) を用いてPCR用反応液を0.025 mlずつ分注した96穴リアクションプレート (PE Biosystems社製) に、コピープレート (トッケン社製) を用いて移し、GeneAmp PCR System 9700 (PE Biosystems社製) を用い、牧野らのプロトコール [DNA Research, 5, 1-9 (1998) ] に従いPCRを行い、挿入断片の増幅を行う。

##### 【0050】

PCR産物精製用キット (Amersham Pharmacia Biotech社製) により余剰プライマーおよびヌクレオチドの除去を行い、これをシーケンス反応の鋳型として用いる。

また、2本鎖DNAプラスミドを鋳型にして、塩基配列を決定することもできる。

##### 【0051】

鋳型として用いる2本鎖DNAプラスミドは以下の方法で取得することができる。

アンピシリン0.05 mg/mlを含む2xYT培地 (バクトトリプトン16g/L、酵母エキス10g/L、塩化ナトリウム5g/L、pH7.0) を1.5 mlずつ分注した24穴または96穴プレートの各ウェルに、全ゲノムショットガンライブラリー由来クローンを植菌し、37℃で終夜振とう培養を行う。

【 0 0 5 2 】

該培養液より、プラスミド自動調製機KURABO PI-50（倉敷紡績社製）、マルチスクリーン(Millipore社製)等を用い、倉敷紡績社もしくはMillipore社のプロトコールに従って、2本鎖DNAプラスミドを調製することができる。

プラスミドの精製には、ベックマンコールター社のバイオメック2000等を用いることができる。

【 0 0 5 3 】

得られた精製2本鎖DNAプラスミドを0.1mg/ml程度になるように水に溶解しシーケンシングの鋳型として用いることができる。

（ 4 - 2 ） シーケンス反応

ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (PE Biosystems社製) 溶液6  $\mu$ lに対し、M13順方向 (M13-21)プライマー又はM13逆方向 (M13REV)プライマー [DNA Research, 5, 1-9 (1998)] を各々1~2 pmole、および上記（ 4 - 1 ）で調製した鋳型 (PCR産物又はプラスミド) 50~200 ngを混ぜ10  $\mu$ lのシーケンス反応液を調製する。

【 0 0 5 4 】

該反応液を用い、GeneAmp PCR System 9700 (PE Biosystems社製)等を用い、35~55サイクルのダイターミネーターシーケンス反応を行う。サイクルパラメーターは市販のキット、例えばABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit等に付属するマニュアルに従って行うことができる。

【 0 0 5 5 】

サンプルの精製は、MultiScreen HV plate (Millipore社製) 等の市販の製品を用い、市販の製品に付属のマニュアルに従って行うことができる。

精製された反応物をエタノール沈殿、乾燥し、分析に用いる。該乾燥反応物は-30℃の暗所で保存でき、用事に用いることができる。

【 0 0 5 6 】

該乾燥反応物は、市販のSequencerおよびAnalyserを用い、付属のマニュアルに従って分析することができる。

市販のSequencerとしては、ABI PRISM 377 DNA Sequencer (PE Biosystems社

製)等を挙げることができる。Analyserとしては、ABI PRISM 3700 DNA Analyser (PE Biosystems社製)等を挙げることができる。

【0057】

(5) アセンブリ

上記(4)で得られた配列情報の、ベースコールにはphred (The University of Washington)等のソフトウェアを用いることができる。ベクター配列情報を除去するには、Cross#Match(The University of Washington)、SPS Cross#Match (Southwest Parallel Software社製)等のソフトウェアを用いることができる。

【0058】

アセンブリには phrap (The University of Washington)、SPS Phrap (Southwest Parallel Software社製)等のソフトウェアを用いることができる。

上記解析、結果出力作業には、Unix、PC、マッキントッシュ等のコンピューターを用いることができる。

【0059】

アセンブリの結果得られるコンティグは、グラフィカルエディターconsed(The University of Washington)等を用いて解析することができる。

ベースコールからアセンブリまでの一連の作業をconsedに付属するスクリプトphredPhrapを利用して一括して行うこともできる。

【0060】

(6) ギャップ部分の塩基配列決定

上記(3)で構築したコスミドライブラリー中の各コスミドを(4-1)に記載した2本鎖DNAプラスミド調製と同様な方法で調製する。このコスミドの挿入断片末端部の塩基配列を、ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (PE Biosystems社製)等の市販のキットを用い、付属するマニュアルに従って決定する。

【0061】

コスミド約800クローンの挿入断片の両末端のシーケンシングを行い、その配列と一致する(5)で得られたショットガンシーケンシング由来コンティグ中の塩基配列を検索する。該作業により各コスミドクローンと各コンティグの連鎖関

係を解明し、相互整列化を行う。また、この結果をコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株のフィジカルマップ [Mol. Gen. Genet., 252, 255-265 (1996)] と対応させることにより、コスミドとコンティグのマッピングを行う。

## 【0062】

また、コンティグではカバーされない領域（ギャップ部）の配列は、以下の方法で決定する。

コンティグの末端に位置する配列を含むクローンを選抜する。これらの中から、挿入断片の片側の末端のみの配列しか決定されていないクローンを選抜し、挿入断片の逆末端の配列を決定する。

## 【0063】

2つのコンティグに、挿入断片のそれぞれの末端の配列が含まれるような全ゲノム由来ショットガンライブラリークローンまたはコスミドクローンを同定し、該クローンの挿入断片の全塩基配列を決定する。

該方法により、このギャップ部分の塩基配列を決定することができる。

## 【0064】

ギャップ部分をカバーするショットガンライブラリークローンもしくはコスミドクローンがない場合には、そのコンティグ末端の配列に相補するプライマーを作成し、PCRによってギャップ領域のDNA断片を増幅する。該増幅DNA断片を鋳型として用いたプライマーウォーキング法により、もしくは該増幅DNA断片から調製したショットガンクローンの配列を決定するショットガン法によりシーケンシングを行い、該領域の塩基配列を決定することができる。

## 【0065】

配列精度の低い領域については、consed(The University of Washington) のAUTOFINISH機能とNAVIGATING機能を利用してプライマーを合成し、プライマーウォーキング法により配列決定を行い配列精度を高めることができる。

このようにして決定される全ゲノムの塩基配列として、例えば、配列番号1に示される、コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株ゲノムの全塩基配列を挙げることができる。

## 【0066】

2. 全ゲノム塩基配列情報を利用したオープンリーディングフレーム、発現調節断片の同定およびORFの機能推定

上記1.の方法により決定された、コリネバクテリウム属に属する微生物由来のゲノムの全塩基配列情報により、オープンリーディングフレーム〔open reading frame (転写読取枠) : 以下、ORFと略記する〕および発現調節断片を同定することが可能であり、更に、同定されたORFの機能を推定することが可能である。

## 【0067】

ORFとは、mRNAの塩基配列のうち、アミノ酸配列として翻訳され、蛋白となりうる連続した領域であり、mRNAのORFに対応する、DNA上の領域も、ORFと呼ばれる。

発現調節断片 (expression modulating fragment、以下EMFと略記する) とは、作動可能に連結されたORFまたはその他の配列の発現を調節する一連のポリヌクレオチド断片を意味する。「作動可能に連結された配列の発現を調節する」とは、EMFの存在により配列の発現が変化することを意味する。EMFとしては、プロモーター、オペレーター、エンハンサー、リボソーム結合配列、転写終結配列等を挙げることができる。コリネバクテリウム属に属する微生物の場合、EMFは通常、遺伝子間セグメント (2つの遺伝子の間にある断片; 長さ約10から200ヌクレオチド) に存在する。即ち、長さ10ヌクレオチド以上の遺伝子間セグメントには、EMFが存在する場合が多い。EMFはまた公知のEMFの配列を標的配列、標的構造モチーフ (または標的モチーフ) に用いて適当なソフトウェア (BLASTやFASTA等) により推定することが可能である。または公知のEMF捕獲ベクター (例えば、pKK232-8; Amersham Pharmacia Biotech社製) により、同定および評価が可能である。

## 【0068】

「標的配列」とは、6個以上のヌクレオチドの塩基配列あるいは2個以上のアミノ酸配列またはそのアミノ酸配列をコードする塩基配列である。標的配列は、配列が長くなるほど、データベース中にランダムに現れる可能性は少なくなる。標

的配列のもっとも好ましい長さは、約10から100個のアミノ酸、または約30から300個のヌクレオチド残基である。

#### 【0069】

「標的構造モチーフ」または「標的モチーフ」とは、任意の合理的に選択される配列または配列の組み合わせをいい、ポリペプチドの折り畳みに際し形成される3次元構造に基づいて選択されるもので、種々のモチーフが公知である。

ポリペプチドの標的モチーフは、例えば酵素活性部位やシグナル配列であるが、これらに限定されることはない。核酸の標的モチーフとしては、プロモーター配列、転写調節因子結合配列やヘアピン構造等を挙げることができる。

#### 【0070】

有用性の高いEMFとしては、例えば高効率プロモーターや誘導発現プロモーターを挙げることができる。これらの取得は、発現が高いことが示されている、あるいは予想される遺伝子（例えばリボソームRNA遺伝子：GenBankアクセッション番号M16175、Z46753）や目的の誘導パターンを示す遺伝子（例えば酢酸で誘導されるイソクエン酸リアーゼ遺伝子：特開平5-56782）の塩基配列を、上記1.で決定した全ゲノム塩基配列とアラインメントして位置決定し、その上流部分（通常、翻訳開始位置から200ないし500ヌクレオチド）のゲノム断片を単離する事により可能である。また、上記EMF捕獲ベクターで捕獲したプロモーターの中から高効率のものや目的の誘導パターンを示すものを選択することにより、有用性の高いEMFを取得できる。

#### 【0071】

ORFの同定は、個々のORFに共通する特徴を抽出し、それに基づく一般的モデルを構築し、対象配列とそのモデルとの適合度を測ることにより行うことができる。該同定には、GeneMark [Nuc. Acids. Res., 22, 4756-67 (1994) : GenePro社製]、GeneMark. hmm(GenePro社製)、GeneHacker [蛋白質核酸酵素, 42, 3001-07 (1997)]、Glimmer [The Institute of Genomic Research; Nuc. Acids. Res. 26, 544-548 (1998)]等のソフトウェアを用いることができる。通常、これらソフトウェアを用いた予測には、デフォルト（初期設定）のパラメータを用いるが、必要に応じてパラメータを変更してもよい。

【0072】

上記予測作業には、Unix、PC、マッキントッシュ等のコンピュータを用いることができる。

該方法により予測されるORFとして、例えば、配列番号1に示されるコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ゲノム中に存在する、配列番号2～3485で示される塩基配列を有するORF等を挙げることができる。該ORFには配列番号3486～6969に示されるアミノ酸配列を有するポリペプチドがコードされている。

【0073】

ORFの機能推定は、同定されたORFのアミノ酸配列をSwiss-Prot、PIR、GeneBank、nr-aaデータベース由来の蛋白質コード領域からなるデータベースであるGenPept等のアミノ酸データベースに対して、相同性検索ソフトウェアFrameSearch (Compugen社製) 等を用いた相同性検索することにより行うことができる。

【0074】

また、該相同性検索により、公知の蛋白質のアミノ酸配列との同一性および類似性も解析できる。

同一性とは、例えば、3つのアミノ酸位置が異なる10アミノ酸長の2つのポリペプチドは、70%の同一性を有するとされる。また、互いに異なる3アミノ酸の内の1つについて、アミノ酸は異なっても類似 (例えばロイシンとイソロイシン) であれば、80%の類似性を有するとされる。

【0075】

具体例として、第1-1表～第1-180表に、コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株由来のORFの塩基配列と、最も相同性が高いと判定される配列の公知データベースにおける登録番号およびその配列の遺伝子名、その遺伝子の機能、並びに該公知のアミノ酸翻訳配列との比較における同一性および類似性を示した。

【0076】

このように、コリネバクテリウム属に属する微生物由来のゲノムの全塩基配列を決定することにより、遺伝学的、生化学的、分子生物学的な実験をすることな



く、膨大な数のコリネバクテリウム属に属する微生物由来の新規遺伝子を同定することができ、更に該遺伝子の機能の推定が可能となる。コリネバクテリウム属に属する微生物は産業上有用な微生物であるため、同定されたかなりの遺伝子は産業上有用である。

## 【 0 0 7 7 】

また、推定された機能を分類することでその微生物の特徴が明らかとなり、育種上の貴重な情報を得ることができる。

更に、上記で得られた、コリネバクテリウム属に属する微生物由来のORF情報より、該微生物より対応するORFを、Molecular Cloning, A Laboratory Manual, Second Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989) (以下、モレキュラー・クローニング第2版と略す) 等に記載の常法により調製し、取得することができる。即ち、ORFに隣接する塩基配列を有するオリゴヌクレオチドを合成し、それをプライマーとして、コリネバクテリウム属に属する微生物から得た染色体DNAを鋳型として用い、通常のPCRクローニング技法によりORFを単離、取得することができる。このようにして取得されるORFとして、例えば、配列番号2～3485のいずれかに示される塩基配列を有するポリヌクレオチドを挙げることができる。

## 【 0 0 7 8 】

ORFあるいはプライマーは、上記配列情報に基づき、ポリヌクレオチド合成機を用いても調製することができる。

本発明のポリヌクレオチドとしては、上記で取得されるORFの塩基配列を含むポリヌクレオチドおよび該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドを挙げることができる。

## 【 0 0 7 9 】

本発明でいうポリヌクレオチドとは、一本鎖および二本鎖DNAならびに一本鎖RNAを含有するが、これらに限定されない。

上記で取得されるORFの塩基配列を含むポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドには、該ORFの縮重変異体が含まれる。縮重変異体とは、塩基配列では本発明のORFの配列と異なっているが、

遺伝コードの縮重により同一のポリペプチド配列をコードするポリヌクレオチド断片をいう。

#### 【0080】

具体的な例としては、配列番号2～3485のいずれかに示される塩基配列を有するポリヌクレオチド、該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド等を挙げることができる。

ストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドとは、上記で同定されたORFの塩基配列を有するポリヌクレオチドをプローブとして、コロニー・ハイブリダイゼーション法、ブランク・ハイブリダイゼーション法あるいはサザンブロットハイブリダイゼーション法等を用いることにより得られるポリヌクレオチドを意味し、具体的には、コロニーあるいはブランク由来のポリヌクレオチドを固定化したフィルターを用いて、0.7～1.0 mol/Lの塩化ナトリウム存在下、65℃でハイブリダイゼーションを行った後、0.1～2倍濃度のSSC溶液(1倍濃度のSSC溶液の組成は、150 mmol/L 塩化ナトリウム、15mmol/L クエン酸ナトリウムよりなる)を用い、65℃条件下でフィルターを洗浄することにより同定できるポリヌクレオチドを挙げるすることができる。

#### 【0081】

ハイブリダイゼーションは、モレキュラー・クローニング第2版、Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons (1987-1997) (以下、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジーと略す)、DNA Cloning 1: Core Techniques, A Practical Approach, Second Edition, Oxford University (1995)等に記載されている方法に準じて行うことができる。ハイブリダイズ可能なポリヌクレオチドとして具体的には、FASTA [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85, 2444-48 (1988)]、BLAST [J. Mol. Biol., 215, 403-410 (1990)]、またはSmith-Waterman [Methods in Enzymology, 164, 765 (1988)]等の相同性検索ソフトウェアにより、デフォルト(初期設定)のパラメータを用いて計算したときに、配列番号2～3485に示される塩基配列と少なくとも60%以上の相同性を有するDNA、好ましくは80%以上の相同性を有するDNA、さらに好ましくは95%以上の相同性を有するDNAを挙げるすることができる。

## 【 0 0 8 2 】

上記PCRクローニング技法によりORFを取得する際に用いるプライマーとしては、該ORFおよび隣接する領域の塩基配列中の連続した4～200塩基と同じ配列を有するオリゴヌクレオチドまたは該オリゴヌクレオチドと相補的な配列を有するオリゴヌクレオチドを挙げることができる。例えば、配列番号1～3485の何れかに示された塩基配列中の連続した4～200塩基と同じ配列を有するオリゴヌクレオチドまたは該オリゴヌクレオチドと相補的な配列を有するオリゴヌクレオチドを挙げることができる。センスプライマーおよびアンチセンスプライマーとして用いる場合には、両者の融解温度（ $T_m$ ）および塩基数が極端に変わることはない上記のオリゴヌクレオチドが好ましい。

## 【 0 0 8 3 】

本発明のオリゴヌクレオチドとして、これらオリゴヌクレオチドを挙げることができる。

更に、これらオリゴヌクレオチドの誘導体（以下、オリゴヌクレオチド誘導体という）も本発明のオリゴヌクレオチドとして利用することができる。

## 【 0 0 8 4 】

該オリゴヌクレオチド誘導体としては、オリゴヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がホスフロチオエート結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がN3' - P5' ホスフォアミデート結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリボースとリン酸ジエステル結合がペプチド核酸結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のウラシルがC-5プロピニルウラシルで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のウラシルがC-5チアゾールウラシルで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のシトシンがC-5プロピニルシトシンで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のシトシンがフェノキサジン修飾シトシン（phenoxazine-modified cytosine）で置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリボースが2' - O-プロピルリボースで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、あるいはオリゴヌクレオチド中のリボースが2' - メトキシエトキ

シリボースで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体等を挙げることができる〔細胞工学, 16, 1463 (1997)〕。

【 0 0 8 5 】

本発明の上記オリゴヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチド誘導体は、プライマー以外にも、後述のハイブリダイゼーション用プローブ、アンチセンス核酸としても有用である。

3. アイソザイム数の推定

コリネバクテリウム属に属する微生物を用いたアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸等の有用物質の生産において、これら有用物質の生産に有用な変異株は多数取得されている。

【 0 0 8 6 】

しかし、上記微生物においては遺伝子配列情報の知見が少ないため、主として、ニトロソグアニジン (NTG) 等の変異剤による変異操作により有用変異株が取得されてきた。

上記変異剤による変異法では、ランダムに遺伝子を変異させることができるが、中間物質の代謝に関わる類似性質を有するアイソザイムコードする各々の遺伝子を一括して変異させることは困難である。また、変異剤による変異法では、ランダムに遺伝子を変異するため、生育遅延や発泡性上昇等培養特性低下をもたらす有害な変異も同時に付与されてしまうことが往々にしてある。

【 0 0 8 7 】

しかし、遺伝子配列情報があれば、目的とするアイソザイムをコードする全遺伝子を目的に応じて全て変異させることが可能となり、目的とする遺伝子以外の変異による有害な変異を導入する恐れがない。

即ち、上記 2. で同定された ORF 情報により、コリネバクテリウム属に属する微生物中の目的とするアイソザイムの正確な数、配列情報を取得することが可能であり、該配列情報を利用し、モレキュラー・クローニング第 2 版等に記載のポイントミューテーション等の方法により、目的遺伝子全てを、目的の性質を有する遺伝子に変異させることができる。

【 0 0 8 8 】

#### 4. 生合成経路、およびシグナル伝達経路の解明

生合成経路、およびシグナル伝達経路は多数の生物で解明が試みられており、多くの知見がある。しかし、コリネバクテリウム属に属する微生物においては、まだ多くの遺伝子が同定されていなかったため、まだ不明な点が数多く存在する。

##### 【0089】

このような不明な点は下記方法により解明することができる。

上記2.の方法により同定された、コリネバクテリウム属に属する微生物由来のORFの推定機能情報を整理する。公知の他生物の生合成経路あるいはシグナル伝達経路上の酵素に、該整理されたORFを対応させる。コリネバクテリウム属に属する微生物において知られている情報と組み合わせ、不明であったコリネバクテリウム属に属する微生物における生合成経路およびシグナル伝達経路個所を解明することができる。

##### 【0090】

不明あるいは明確でなかった経路を解明することにより、目的とする有用生産物を生産するための有用変異株を効率よく取得することが可能となる。

即ち、明確となった経路が目的とする有用生産物の生合成に重要と判断される場合には、該経路を強化した変異株を取得することにより有用変異株を取得することができる。また、明確となった経路が目的とする有用生産物の生合成には重要ではないと判断される場合には、該経路の利用頻度を低下させた変異株を取得することにより有用変異株を取得することができる。

##### 【0091】

#### 5. 有用変異点の解明

コリネバクテリウム属に属する微生物においては、アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸等の目的とする有用生産物の生産に適した有用変異株が多数取得されている。しかしながら、どのような変異を遺伝子に付与すれば生産性を向上させることが可能かほとんど知られていない。

##### 【0092】

しかし、上記1. および2.の方法により決定された、コリネバクテリウム属

に属する微生物由来の全ゲノムおよびORFの塩基配列情報に基づき、モレキュラー・クローニング第2版等に記載の常法あるいは、後述のDNAアレイを用いた方法、あるいはプロテオーム解析を組み合わせることにより容易に有用変異株の有用変異点を特定することが可能となる。

【 0 0 9 3 】

これまでに取得されている有用変異株は、主として変異剤による変異法を用いて取得されているため、有害変異も同時に付与されてしまうが、上記方法により有用変異点が特定されることにより、有用な変異点のみを有する有用な変異株を造成することが可能となる。

【 0 0 9 4 】

例えば、コリネバクテリウム・グルタミクムATCC13032の配列番号299で示されるアスパルトキナーゼの932番目の塩基をシトシンに置換することにより、コリネバクテリウム・グルタミクムによるリジンの生産性を向上させることができる等の知見を得ることができる。

【 0 0 9 5 】

また、有害であると判断された変異点が特定された場合には、現在使用している生産菌株に該変異点が存在するか否かを調べ、該変異を有している場合には野生型の遺伝子に戻すことにより、更に有用な生産菌株に育種することが可能である。

【 0 0 9 6 】

このような情報は、コリネバクテリウム属に属する微生物以外の、産業上有利な性質を有する微生物（より安価な炭素源を利用できる微生物、より高温でも成育できる微生物等）にも適用することが可能である。

6. ポリヌクレオチドアレイの作製および利用

(1) ポリヌクレオチドアレイの作製

上記1. および2. で取得される本発明のポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチドを用いポリヌクレオチドアレイを作製することができる。

【 0 0 9 7 】

本発明においてポリヌクレオチドアレイとは、DNAチップ、DNAマイクロアレイ

、DNAマクロアレイ等と呼ばれるものを含み、固体支持体の表面に複数のポリヌクレオチドまたは該断片を固着させたものをいう。

固体支持体としては、平板ガラスやナイロン膜等を用いることができる。

#### 【 0 0 9 8 】

ポリヌクレオチドまたは該断片の固体支持体表面への固着には、アレイ作製の一般的な手法を用いることができる。即ち、ポリリジン等のポリ陽イオンの付着等化学的に表面処理した固体支持体に固着させる方法〔Nat. Genet., 21, 15-19 (1999)〕等を用いることができる。このような化学的に表面処理した固体支持体は市販されており、該市販品を本発明のポリヌクレオチドアレイの固体支持体として用いることができる。

#### 【 0 0 9 9 】

固体支持体に固着させるポリヌクレオチドあるいはオリゴヌクレオチドとしては、上記 1. および 2. で取得される本発明のポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチドを用いることができる。

固体支持体へポリヌクレオチドあるいはオリゴヌクレオチドを高密度に固着することにより、後述の解析を効率よく実施可能であるが、必ずしも高密度である必要はない。

#### 【 0 1 0 0 】

高密度に固着するためのアレイヤーロボット等の装置は、宝酒造社 (GMS417 Arrayer) 等より市販されており、該市販品を用いることができる。

また、光リソグラフィ法等により本発明のオリゴヌクレオチドを固体支持体上で直接合成してもよい〔Nat. Genet., 21, 20-24 (1999)〕。該方法ではまず、光照射により除去できる保護基を持ったリンカーをスライドガラス等の固体支持体に固着させる。該固着部位の限られた部分のみ光を透過させるためのマスク（光リソグラフィマスク）を通して光を当てる。該領域に、光照射により除去できる保護基を持ったオリゴヌクレオチドを加えることにより、光の当たった部分のみ、そのヌクレオチドとの連結反応が起こる。該操作を繰り返すことにより、領域ごとに異なる、望みの配列のオリゴヌクレオチドを合成することができる。通常、合成するオリゴヌクレオチドの長さは、10～30塩基である。

【0101】

(2) ポリヌクレオチドアレイの利用

上記(1)で作製されたポリヌクレオチドアレイを用い、下記(a)、(b)を行うことが可能となる。

(a) コリネバクテリウム属に属する微生物の変異株の変異点の同定および遺伝子発現量の解析

コリネバクテリウム属に属する微生物の変異株由来遺伝子について、下記(i)～(iv)の工程を実施することにより、該遺伝子の変異点の同定または該遺伝子の発現量を解析することができる。

【0102】

(i) 上記(1)の方法でポリヌクレオチドアレイを作製する工程

(ii) (i)の工程で作製されたポリヌクレオチドアレイを用い、該ポリヌクレオチドアレイ上に固定化されたポリペプチドと標識化されたコリネバクテリウム属に属する微生物の変異株由来遺伝子とをハイブリダイズ条件下でインキュベートする工程

(iii) ハイブリダイゼーションを検出する検出工程

(iv) ハイブリダイゼーション結果を解析する解析工程

具体的な方法を下記に詳述する。

【0103】

ポリヌクレオチドアレイを用い、ヒトの2,300キロベースにわたる領域中のSNP(一塩基多型)が同定されている[Science, 280, 1077-82 (1998)]。該SNPの同定方法、およびScience, 278, 680-686 (1997)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 96, 12833-38 (1999)、Science, 284, 1520-23 (1999)等に記載の方法に準じ、上記(1)で作製されたポリヌクレオチドアレイおよびコリネバクテリウム属に属する微生物由来の核酸分子(DNA、RNA)を用い、ハイブリダイゼーション法により、アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸等に有用である該微生物の有用変異株の変異点の同定および遺伝子発現量の解析が可能である。

【0104】

コリネバクテリウム属に属する微生物由来の核酸分子(DNA、RNA)の取得はモ



レキュラー・クローニング第2版等に記載の常法に従って行うことができる。コリネバクテリウム・グルタミクム由来のmRNAの取得に関しては、Bormannらの方法 [Mol. Microbiol., 6, 317-326 (1992)] も用いることができる。

【0105】

通常、目的とするmRNAに加え、大過剰のリボソームRNA (rRNA) も取得されるが、解析の大きな支障にはならない。

取得されたコリネバクテリウム属に属する微生物由来の核酸分子を標識化する。該標識には蛍光色素を用いる方法やラジオアイソトープを用いる方法等が用いられる。

【0106】

具体的には、微生物より抽出したRNAにソラレン-ビオチンを紫外光でクロスリンクさせ、ハイブリダイゼーション反応後にストレプトアビジンを結合させた蛍光色素をビオチン部に結合させることにより標識化する方法 [Nature Biotechnology, 16, 45-48 (1998)]、微生物より抽出したRNAを鋳型、ランダムプライマーをプライマーにした逆転写反応を行い、蛍光色素、例えばCy3, Cy5を結合させたdUTP (Amersham Pharmacia Biotech社製) をcDNAに取り込ませることにより標識化する方法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 96, 12833-38 (1999)] 等を挙げることができる。

【0107】

ランダムプライマーの代わりにORFの3' 端の相補配列群をプライマーに使用することで、標識の特異性をより高めることも可能である [J. Bacteriol., 181, 6425-40 (1999)]。

ハイブリダイゼーション法における、ハイブリダイゼーションおよびその後の洗浄操作は通常の方法で行うことができる [Nature Biotechnology, 14, 1675-80 (1996)等]。

【0108】

該操作後、標識に使用した核酸分子のハイブリダイゼーション量に応じたハイブリダイゼーションの強度を測定することにより、変異点の同定および遺伝子の発現量を算定することができる。

ハイブリダイゼーションの強度は、蛍光シグナル、放射能、発光量等を、レーザー共焦点顕微鏡、CCDカメラ、放射線のイメージング装置（例えばAmersham Pharmacia Biotech社製、STORM）等により可視化後、該可視化データを定量化することにより測定することができる。

【0109】

固体支持体上のポリヌクレオチドアレイについての解析・定量には、GMS418 Array Scanner（宝酒造社製）等の市販の装置を用いることもできる。

遺伝子発現量の解析には、市販の解析ソフトウェア（例えば宝酒造社製、ImaGene；富士フイルム社製、Array Gauge；Amersham Pharmacia Biotech社製、ImageQuant等）を使用することができる。

【0110】

コリネバクテリウム属に属する微生物由来の核酸分子として、培養経時に応じて取得された核酸分子を用いることにより、特定の遺伝子の発現変動を追跡することができる。該変動を把握することにより、培養条件を最適化することが可能となる。

【0111】

（b）被検遺伝子に相同な遺伝子のコリネバクテリウム属に属する微生物での存在の確認

上記（1）で作製されたポリヌクレオチドアレイを用い、コリネバクテリウム属に属する微生物以外の生物に存在する被検遺伝子に相同な遺伝子がコリネバクテリウム属に属する微生物に存在するか否かを、検定することができる。

【0112】

該検定は、上記（a）の同定・解析方法において、コリネバクテリウム属に属する微生物由来の核酸分子のかわりに、コリネバクテリウム属に属する微生物以外の生物に存在する被検遺伝子を用いた方法により行うことができる。

7. 全ゲノム塩基配列およびORF情報を記録したコンピューターで読み取り可能な記録媒体

「コンピューターで読み取り可能な記録媒体」とは、コンピューターによって直接読みとられ、アクセスされうる任意の記録媒体をいう。このような記録媒体

としては、フロッピーディスク、ハードディスク、磁気テープ等の磁気記憶媒体、CD-ROM、CD-R、CD-RW、DVD-ROM、DVD-RAM、DVD-RW等の光学記憶媒体、RAMやROM等の電気記憶媒体、およびこれらのカテゴリーのハイブリッド（例えばMO等の磁気／光学記憶媒体）を挙げることができるが、これらに限定されない。

【 0 1 1 3 】

上記記録媒体に記録させるための機器、あるいは記録媒体中の情報を読み取るための機器の選択は、記録媒体の種類とアクセス方法に基づく。また、種々のデータプロセッサプログラムおよびフォーマットが、本発明のポリヌクレオチド配列情報等を該媒体に記録させるために用いられる。該情報は市販のソフトウェアでフォーマットされたバイナリーファイル、テキストファイルあるいはASCIIファイルの形態で表しうる。これら配列情報にアクセスするためのソフトウェアも公的に入手可能である。

【 0 1 1 4 】

該媒体に記録する情報としては、上記 2. で取得されたコリネバクテリウム属に属する微生物の、全ゲノム塩基配列情報、ORFの塩基配列情報、該ORFにコードされるアミノ酸配列情報、該アミノ酸配列を有するポリペプチドの有する機能情報等を挙げることができる。

【 0 1 1 5 】

本発明のコンピュータで読みとり可能な記録媒体は、上記情報を記録した媒体である。具体的には、配列番号1～3486に示される塩基配列情報、3487～6969に示されるアミノ酸配列情報、表1～180に示される情報等を記録したコンピュータで読み取り可能な記録媒体を挙げることができる。

【 0 1 1 6 】

8. 本発明のコンピュータで読みとり可能な記録媒体を利用したコンピュータに基づくシステム

「コンピュータに基づくシステム」とは、本発明のコンピュータで読みとり可能な記録媒体に記録された情報を分析するために使用される、ハードウェア手段、ソフトウェア手段、およびデータ記憶手段より構成されたものをいう。

【 0 1 1 7 】

ハードウェア手段は基本的に、入力装置、データ記憶装置、中央演算処理装置、出力装置からなる。

ソフトウェア手段は、記憶された情報と上記ハードウェア手段を用いて、本発明の媒体に記録された情報に関する検索あるいは解析を行う手段を行う。具体的には、本発明の記録媒体に記録された塩基配列、アミノ酸配列等の情報から生物学的に意味のある構造、情報を検索あるいは解析するために、コンピューターに基づくシステムで実行される一つまたはそれ以上のプログラムを使用する手段を意味する。

【 0 1 1 8 】

ORF、EMF領域の同定のためのソフトウェアとしては、GeneMark [Nuc. Acids Res., 22, 4756-67 (1994)]、GeneHacker [蛋白質核酸酵素, 42, 3001-07 (1997)]、Glimmer [The Institute of Genomic Research; Nuc. Acids Res., 26, 544-548 (1998)]等を挙げることができる。通常、これらソフトウェアを用いた予測には、デフォルト（初期設定）のパラメータを用いるが、必要に応じてパラメータを変更してもよい。

【 0 1 1 9 】

標的配列または標的構造モチーフに類似するゲノム領域またはポリペプチド領域の同定（相同性検索）のためのソフトウェアとしては、FASTA [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85, 2444-48 (1988)]、BLAST [J. Mol. Biol. 215, 403-410 (1990)]、Smith-Waterman [Methods in Enzymology, 164, 765 (1988)]、GenetyxMac (Software Development社製)、GCGパッケージ (Genetics Computer Group社製)、GenCore (Compugen社製)等を挙げることができる。通常、これらソフトウェアを用いた予測には、デフォルト（初期設定）のパラメータを用いるが、必要に応じてパラメータを変更してもよい。

【 0 1 2 0 】

データ記憶手段とは、本発明の記録媒体に記録された情報および標的配列、標的構造モチーフ情報等を記憶するメモリ、およびそれにアクセスしうるメモリアクセス手段をいう。

即ち、本発明のコンピューターに基づくシステムは、

- (i) 本発明の記録媒体に記録された情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力手段、
  - (ii) 入力された情報を記憶するためのデータ記憶手段、
  - (iii) (i) のデータ記録手段により記録された、本発明の記録媒体に記録された情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較し、標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似する塩基配列情報を検索または解析するソフトウェア手段、および
  - (iv) (iii) のソフトウェア手段により得られた検索または解析結果を表示するための出力手段
- を備えたことを特徴とする、コンピュータに基づくシステムである。

【 0 1 2 1 】

該システムを、上記 2. ～ 5. の方法に用いることにより、コリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物の、ORF、EMF 領域、標的配列、標的構造モチーフ等の検索・解析、アイソザイムの検索・解析、生合成経路・シグナル伝達経路の解明、および有用変異点の解明に利用することができる。また、コリネバクテリウム属に属する微生物以外の生物由来の遺伝子に相応するコリネバクテリウム属に属する微生物由来の遺伝子の同定を行うことができる。

【 0 1 2 2 】

9. コリネバクテリウム属に属する微生物由来のORFを利用したポリペプチドの製造

上記 2. の方法で取得されるORFを含むポリヌクレオチドを用い、本発明のポリペプチドを製造することができる。即ち、本発明のポリペプチドは、モレキュラー・クローニング第2版やカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー等に記載された方法等を用い、例えば以下の方法により、本発明のポリヌクレオチドまたはその断片を宿主細胞中で発現させて、製造することができる。

【 0 1 2 3 】

全長ORF配列をもとにして、必要に応じて、該ポリペプチドをコードする部分を含む適当な長さのDNA断片を調製する。

また、必要に応じて、本発明のポリペプチドをコードする部分の塩基配列を、宿主細胞の発現に最適なコドンとなるように塩基を置換したDNAを調製する。

【 0 1 2 4 】

該DNAは本発明のポリペプチドの効率的製造に有用である。

これらのDNA断片を適当な発現ベクターのプロモーターの下流に挿入することにより、組換えベクターを作製する。

該組換えベクターを、該発現ベクターに適合した宿主細胞に導入する。

【 0 1 2 5 】

宿主細胞としては、細菌、酵母、動物細胞、昆虫細胞、植物細胞等、目的とする遺伝子を発現できるものであればいずれも用いることができる。

発現ベクターとしては、上記宿主細胞において自立複製可能ないしは染色体中への組込が可能で、本発明のポリペプチドをコードするDNAを転写できる位置にプロモーターを含有しているものが用いられる。

【 0 1 2 6 】

細菌等の原核生物を宿主細胞として用いる場合は、本発明のポリペプチドをコードするDNAを含有してなる組換えベクターは原核生物中で自立複製可能であると同時に、プロモーター、リボソーム結合配列、本発明のDNA、転写終結配列、より構成されたベクターであることが好ましい。プロモーターを制御する遺伝子が含まれていてもよい。

【 0 1 2 7 】

発現ベクターとしては、例えば、コリネバクテリウム・グルタミカム (Coryne bacterium glutamicum) で複製可能なベクタープラスミドであるpCG1 (特開昭57-134500)、pCG2 (特開昭58-35197)、pCG4 (特開昭57-183799)、pCG11 (特開昭57-134500)、pCG116、pCE54、pCB101 (いずれも特開昭58-105999)、pCE51、pCE52、pCE53 [いずれもMolecular and General Genetics 196:175-178 (1984)]、pET3、pET11 (以上Stratagene社製)、pBAD、pThioHis、pTrcHis (以上、Invitrogen社製)、pKK223-3、pGEX2T (以上、Amersham Pharmacia Biotech社製) の他、pBTrp2、pBTac1、pBTac2 (いずれもベーリンガーマンハイム社製より市販)、pSE280 (Invitrogen社製)、pGEMEX-1 (Promega社製)、pQE-8 (QIAGEN

社製)、pKYP10 (特開昭58-110600)、pKYP200 [Agric. Biol. Chem., 48, 669 (1984)]、pLSA1 [Agric. Biol. Chem., 53, 277 (1989)]、pGEL1 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82, 4306 (1985)]、pBluescript II SK(-) (Stratagene社製)、pTrs30 [Escherichia coli JM109/pTrs30 (FERM BP-5407) より調製]、pTrs32 [Escherichia coli JM109/pTrs32 (FERM BP-5408) より調製]、pGHA2 [Escherichia coli IGHA2 (FERM B-400) より調製、特開昭60-221091]、pGKA2 [Escherichia coli IGKA2 (FERM BP-6798) より調製、特開昭60-221091]、pTerm 2 (US4686191、US4939094、US5160735)、pSupex、pUB110、pTP5、pC194、pEG40 [J. Bacteriol., 172, 2392 (1990)]、pGEX (Pharmacia社製)、pETシステム (Novagen社製) 等を挙げることができる。

## 【 0 1 2 8 】

プロモーターとしては、宿主細胞中で機能するものであればいかなるものでもよい。例えば、trpプロモーター ( $P_{trp}$ )、lacプロモーター、 $P_L$ プロモーター、 $P_R$ プロモーター、T7プロモーター等の、大腸菌やファージ等に由来するプロモーターを挙げることができる。また $P_{trp}$ を2つ直列させたプロモーター ( $P_{trp} \times 2$ )、tacプロモーター、lacT7プロモーター、let Iプロモーターのように人為的に設計改変されたプロモーター等も用いることができる。

## 【 0 1 2 9 】

リボソーム結合配列であるシャインーダルガノ (Shine-Dalgarno) 配列と開始コドンとの間を適当な距離 (例えば6~18塩基) に調節したプラスミドを用いることが好ましい。

本発明の組換えベクターにおいては、本発明のDNAの発現には転写終結配列は必ずしも必要ではないが、構造遺伝子の直下に転写終結配列を配置することが好ましい。

## 【 0 1 3 0 】

宿主細胞としては、エシェリヒア属、セラチア属、バチルス属、ブレヴィバクテリウム属、コリネバクテリウム属、ミクロバクテリウム属、シュードモナス属等に属する微生物、例えば、Escherichia coli XL1-Blue、Escherichia coli XL2-Blue、Escherichia coli DH1、Escherichia coli MC1000、Escherichia coli KY

3276、Escherichia coli W1485、Escherichia coli JM109、Escherichia coli H B101、Escherichia coli No.49、Escherichia coli W3110、Escherichia coli N Y49、Escherichia coli GI698、Escherichia coli TB1、Serratia ficaria、Serratia fonticola、Serratia liquefaciens、Serratia marcescens、Bacillus subtilis、Bacillus amyloliquefaciens、Brevibacterium ammoniagenes、Brevibacterium immariophilum ATCC14068、Brevibacterium saccharolyticum ATCC14066、Corynebacterium glutamicum ATCC13032、Corynebacterium glutamicum ATCC13869、Corynebacterium glutamicum ATCC14067 (旧属種Brevibacterium flavum)、Corynebacterium glutamicum ATCC13869 (旧属種Brevibacterium lactofermentum)、Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870、Microbacterium ammoniaphilum ATCC15354、Pseudomonas putida、Pseudomonas sp. D-0110等を挙げることができる。

【 0 1 3 1 】

コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) またはその類縁微生物を宿主とする場合、該ポリペプチドの発現に必要なEMFはベクター側に特に備わっていなくても挿入断片である本発明のポリヌクレオチドまたはその断片に含まれていればよいが、そのようなEMFが該ポリヌクレオチドに含まれない場合には、別に調製し、作動可能な状態に連結する必要がある。あるいは、より高い発現量もしくは特異的な発現調節を期待する場合にも、それに見合ったEMFを作動可能な状態に連結する必要がある。例えば、Patekら、Microbiology 142:1297-1309 (1996)に具体例が示されている。

【 0 1 3 2 】

組換えベクターの導入方法としては、上記宿主細胞へDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、カルシウムイオンを用いる方法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 69, 2110 (1972)]、プロトプラスト法 (特開昭63-248394)、またはGene, 17, 107 (1982)若しくはMolecular & General Genetics, 168, 111 (1979)に記載の方法等を挙げることができる。

【 0 1 3 3 】

酵母を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、pYES2



(Invitrogen社製)、YEP13 (ATCC37115)、YEp24 (ATCC37051)、YCp50 (ATCC37419)、pHS19、pHS15等を挙げる事ができる。

プロモーターとしては、酵母菌株中で発現できるものであればいずれのものを用いてもよく、例えば、ヘキソースキナーゼ等の解糖系の遺伝子のプロモーター、PHO5プロモーター、PGKプロモーター、GAPプロモーター、ADHプロモーター、gal1プロモーター、gal10プロモーター、ヒートショックポリペプチドプロモーター、MF $\alpha$ 1プロモーター、CUP1プロモーター等を挙げる事ができる。

【 0 1 3 4 】

宿主細胞としては、Saccharomyces属、Schizosaccharomyces属、Kluyveromyces属、Trichosporon属、Schwanniomyces属、Pichia属、Candida属等に属する微生物、例えば、Saccharomyces cerevisiae、Schizosaccharomyces pombe、Kluyveromyces lactis、Trichosporon pullulans、Schwanniomyces alluvius、Candida utilis等を挙げる事ができる。

【 0 1 3 5 】

組換えベクターの導入方法としては、酵母にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法 [Methods Enzymol., 194, 182 (1990)]、スフェロプラスト法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75, 1929 (1978)]、酢酸リチウム法 [J. Bacteriology, 153, 163 (1983)]、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75, 1929 (1978)記載の方法等を挙げる事ができる。

【 0 1 3 6 】

動物細胞を宿主として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、pcDNA3.1、pSinRep5、pCEP4 (Invitrogen社製)、pRev-Tre (Clontech社製)、pAxCawt (宝酒造社製)、pcDNA1、pcDM8 (フナコシ社製)、pAGE107 [特開平3-22979、Cytotechnology, 3, 133 (1990)]、pAS3-3 (特開平2-227075)、pcDM8 [Nature, 329, 840 (1987)]、pcDNA1/Amp (Invitrogen社製)、pREP4 (Invitrogen社製)、pAGE103 [J. Biochem., 101, 1307 (1987)]、pAGE210等を挙げる事ができる。

【0137】

プロモーターとしては、動物細胞中で機能するものであればいずれも用いることができ、例えば、サイトメガロウイルス (CMV) のIE (immediate early) 遺伝子のプロモーター、SV40の初期プロモーター、レトロウイルスのプロモーター、メタロチオネインプロモーター、ヒートショックプロモーター、SR $\alpha$ プロモーター等を挙げることができる。また、ヒトCMVのIE遺伝子のエンハンサーをプロモーターと共に用いてもよい。

【0138】

宿主細胞としては、ヒトの細胞であるナマルバ (Namalwa) 細胞、サルの細胞であるCOS細胞、チャイニーズ・ハムスターの細胞であるCHO細胞、HBT5637 (特開昭63-299) 等を挙げることができる。

動物細胞への組換えベクターの導入方法としては、動物細胞にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法 [Cytotechnology, 3, 133 (1990)]、リン酸カルシウム法 (特開平2-227075)、リポフェクション法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413 (1987)]、Virology, 52, 456 (1973)等を挙げることができる。

【0139】

昆虫細胞を宿主として用いる場合には、例えばカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W. H. Freeman and Company, New York (1992)、Bio/Technology, 6, 47 (1988)等に記載された方法によって、ポリペプチドを発現することができる。

【0140】

即ち、組換え遺伝子導入ベクターおよびバキュロウイルスを昆虫細胞に共導入して昆虫細胞培養上清中に組換えウイルスを得た後、さらに組換えウイルスを昆虫細胞に感染させ、ポリペプチドを発現させることができる。

該方法において用いられる遺伝子導入ベクターとしては、例えば、pBlueBac4.5、pVL1392、pVL1393、pBlueBacIII (ともにInvitrogen社製) 等を挙げることができる。

【0141】

バキュロウイルスとしては、例えば、夜盗蛾科昆虫に感染するウイルスであるアウトグラフィ・カリフォルニカ・ヌクレアー・ポリヘドロシス・ウイルス(Autographa californica nuclear polyhedrosis virus)等を用いることができる。

【0142】

昆虫細胞としては、Spodoptera frugiperdaの卵巣細胞であるSf9、Sf21 [Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W. H. Freeman and Company, New York (1992)]、Trichoplusia niの卵巣細胞であるHigh 5 (Invitrogen 社製) 等を用いることができる。

【0143】

組換えウイルスを調製するための、昆虫細胞への上記組換え遺伝子導入ベクターと上記バキュロウイルスの共導入方法としては、例えば、リン酸カルシウム法(特開平2-227075)、リポフェクション法[Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413 (1987)]等を挙げることができる。

【0144】

植物細胞を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、Tiプラスミド、タバコモザイクウイルスベクター等を挙げることができる。

プロモーターとしては、植物細胞中で発現できるものであればいずれのものを用いてもよく、例えば、カリフラワーモザイクウイルス(CaMV)の35Sプロモーター、イネアクチン1プロモーター等を挙げることができる。

【0145】

宿主細胞としては、タバコ、ジャガイモ、トマト、ニンジン、ダイズ、アブラナ、アルファルファ、イネ、コムギ、オオムギ等の植物細胞等を挙げることができる。

組換えベクターの導入方法としては、植物細胞にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、アグロバクテリウム(Agrobacterium) (特開昭59-140885、特開昭60-70080、W094/00977)、エレクトロポレーション法(特開昭60-251887)、パーティクルガン(遺伝子銃)を用いる方法(特許第2606856、特許第2517813)等を挙げることができる。

【0146】

酵母、動物細胞、昆虫細胞または植物細胞により発現させた場合には、糖あるいは糖鎖が付加されたポリペプチドを得ることができる。

以上のようにして得られる本発明の形質転換体を培地に培養し、培養物中に本発明のポリペプチドまたは本発明のEMFの制御下で発現される任意のポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から採取することにより、それらのポリペプチドを製造することができる。

【0147】

本発明の形質転換体を培地に培養する方法は、宿主の培養に用いられる通常の方法に従って行うことができる。

本発明の形質転換体が大腸菌等の原核生物あるいは酵母等の真核生物を宿主として得られた形質転換体である場合、該形質転換体を培養するを用いてもよい。培地として、該形質転換体が資化し得る炭素源、窒素源、無機塩類等を含有し、該形質転換体の培養を効率的に行える培地であれば天然培地、合成培地のいずれ

炭素源としては、該形質転換体が資化し得るものであればよく、グルコース、フラクトース、スクロース、これらを含有する糖蜜、デンプンあるいはデンプン加水分解物等の炭水化物、酢酸、プロピオン酸等の有機酸、エタノール、プロパノール等のアルコール類等を用いることができる。

【0148】

窒素源としては、アンモニア、塩化アンモニウム、硫酸アンモニウム、酢酸アンモニウム、リン酸アンモニウム等の無機酸もしくは有機酸のアンモニウム塩、その他の含窒素化合物、ならびに、ペプトン、肉エキス、酵母エキス、コーンステープリカー、カゼイン加水分解物、大豆粕および大豆粕加水分解物、各種発酵菌体およびその消化物等を用いることができる。

【0149】

無機塩としては、リン酸第一カリウム、リン酸第二カリウム、リン酸マグネシウム、硫酸マグネシウム、塩化ナトリウム、硫酸第一鉄、硫酸マンガン、硫酸銅、炭酸カルシウム等を用いることができる。

培養は、振盪培養または深部通気攪拌培養等の好氣的条件下で行う。培養温度

は15～40℃がよく、培養時間は、通常16時間～7日間である。培養中のpHは3.0～9.0に保持することが好ましい。pHの調整は、無機または有機の酸、アルカリ溶液、尿素、炭酸カルシウム、アンモニア等を用いて行う。

【0150】

また、培養中必要に応じて、アンピシリンやテトラサイクリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

プロモーターとして誘導性のプロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときには、必要に応じてインデューサーを培地に添加してもよい。

【0151】

例えば、lacプロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときにはイソプロピル-β-D-チオガラクトピラノシド等を、trpプロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときにはインドールアクリル酸等を培地に添加してもよい。

【0152】

動物細胞を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているRPMI1640培地 [The Journal of the American Medical Association, 199, 519 (1967)]、EagleのMEM培地 [Science, 122, 501 (1952)]、ダルベッコ改変MEM培地 [Virology, 8, 396 (1959)]、199培地 [Proceeding of the Society for the Biological Medicine, 73, 1 (1950)] またはこれら培地に牛胎児血清等を添加した培地等を用いることができる。

【0153】

培養は、通常pH6～8、30～40℃、5%CO<sub>2</sub>存在下等の条件下で1～7日間行う。

また、培養中必要に応じて、カナマイシン、ペニシリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

【0154】

昆虫細胞を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているTNM-FH培地 (Pharmingen社製)、Sf-900 II SFM培地 (Life Techno

logies社製)、ExCell400、ExCell405 (いずれもJRH Biosciences社製)、Grace's Insect Medium [Nature, 195, 788 (1962)] 等を用いることができる。

【0155】

培養は、通常pH6～7、25～30℃等の条件下で、1～5日間行う。

また、培養中必要に応じて、ゲンタマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

植物細胞を宿主として得られた形質転換体は、細胞として、または植物の細胞や器官に分化させて培養することができる。該形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているムラシゲ・アンド・スクーグ(MS)培地、ホワイト(White)培地、またはこれら培地にオーキシン、サイトカイニン等、植物ホルモンを添加した培地等を用いることができる。

【0156】

培養は、通常pH5～9、20～40℃の条件下で3～60日間行う。

また、培養中必要に応じて、カナマイシン、ハイグロマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

上記のとおり、本発明のポリペプチドをコードするDNAを組み込んだ組換え体ベクターを保有する微生物、動物細胞、あるいは植物細胞由来の形質転換体を、通常の培養方法に従って培養し、該ポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを製造することができる。

【0157】

遺伝子の発現方法としては、直接発現以外に、モレキュラー・クローニング第2版に記載されている方法等に準じて、分泌生産、融合ポリペプチド発現等を行うことができる。

本発明のポリペプチドの生産方法としては、宿主細胞内に生産させる方法、宿主細胞外に分泌させる方法、あるいは宿主細胞外膜上に生産させる方法があり、使用する宿主細胞や、生産させるポリペプチドの構造を変えることにより、該方法を選択することができる。

【0158】

本発明のポリペプチドが宿主細胞内あるいは宿主細胞外膜上に生産される場合、ポールソンらの方法 [J. Biol. Chem., 264, 17619 (1989)]、ロウらの方法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 8227 (1989)、Genes Develop., 4, 1288 (1990)]、または特開平5-336963、W094/23021等に記載の方法を準用することにより、該ポリペプチドを宿主細胞外に積極的に分泌させることができる。

【 0 1 5 9 】

即ち、遺伝子組換えの手法を用いて、本発明のポリペプチドの活性部位を含むポリペプチドの手前にシグナルペプチドを付加した形で発現させることにより、本発明のポリペプチドを宿主細胞外に積極的に分泌させることができる。

また、特開平2-227075に記載されている方法に準じて、ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子等を用いた遺伝子増幅系を利用して生産量を上昇させることもできる。

【 0 1 6 0 】

さらに、遺伝子導入した動物または植物の細胞を再分化させることにより、遺伝子が導入された動物個体（トランスジェニック非ヒト動物）または植物個体（トランスジェニック植物）を造成し、これらの個体を用いて本発明のポリペプチドを製造することもできる。

【 0 1 6 1 】

形質転換体が動物個体または植物個体の場合は、通常の方法に従って、飼育または栽培し、該ポリペプチドを生成蓄積させ、該動物個体または植物個体より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを製造することができる。

【 0 1 6 2 】

動物個体を用いて本発明のポリペプチドを製造する方法としては、例えば公知の方法 [American Journal of Clinical Nutrition, 63, 639S (1996)、American Journal of Clinical Nutrition, 63, 627S (1996)、Bio/Technology, 9, 830 (1991)] に準じて遺伝子を導入して造成した動物中に本発明のポリペプチドを生産する方法を挙げることができる。

【 0 1 6 3 】

動物個体の場合は、例えば、本発明のポリペプチドをコードするDNAを導入したトランスジェニック非ヒト動物を飼育し、該ポリペプチドを該動物中に生成、

蓄積させ、該動物中より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを製造することができる。該動物中の生成、蓄積場所としては、例えば、該動物のミルク（特開昭63-309192）、卵等を挙げることができる。この際に用いられるプロモーターとしては、動物で発現できるものであればいずれも用いることができるが、例えば、乳腺細胞特異的なプロモーターである $\alpha$ カゼインプロモーター、 $\beta$ カゼインプロモーター、 $\beta$ ラクトグロブリンプロモーター、ホエー酸性プロテインプロモーター等が好適に用いられる。

## 【0164】

植物個体を用いて本発明のポリペプチドを製造する方法としては、例えば本発明のポリペプチドをコードするDNAを導入したトランスジェニック植物を公知の方法〔組織培養，20（1994）、組織培養，21（1995）、Trends in Biotechnology，15，45（1997）〕に準じて栽培し、該ポリペプチドを該植物中に生成、蓄積させ、該植物中より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを生産する方法を挙げることができる。

## 【0165】

本発明の形質転換体により製造されたポリペプチドを単離精製するためには、通常の酵素の単離精製法を用いることができる。例えば本発明のポリペプチドが、細胞内に溶解状態で発現した場合には、培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、水系緩衝液にけん濁後、超音波破碎機、フレンチプレス、マントンガウリンホモゲナイザー、ダイノミル等により細胞を破碎し、無細胞抽出液を得る。該無細胞抽出液を遠心分離することにより得られる上清から、通常の酵素の単離精製法、即ち、溶媒抽出法、硫酸等による塩析法、脱塩法、有機溶媒による沈殿法、ジエチルアミノエチル（DEAE）セファロース、DIAION HPA-75（三菱化成社製）等のレジンを用いた陰イオン交換クロマトグラフィー法、S-Sepharose FF（Pharmacia社製）等のレジンを用いた陽イオン交換クロマトグラフィー法、ブチルセファロース、フェニルセファロース等のレジンを用いた疎水性クロマトグラフィー法、分子篩を用いたゲルろ過法、アフィニティークロマトグラフィー法、クロマトフォーカシング法、等電点電気泳動等の電気泳動法等の手法を単独あるいは組み合わせて用い、精製標品を得ることができる。



## 【0166】

また、該ポリペプチドが細胞内に不溶体を形成して発現した場合は、同様に細胞を回収後、破碎し、遠心分離を行うことにより、沈殿画分としてポリペプチドの不溶体を回収する。回収したポリペプチドの不溶体を蛋白質変性剤で可溶化する。該可溶化液を希釈または透析し、該可溶化液中の蛋白質変性剤の濃度を下げることにより、該ポリペプチドを正常な立体構造に戻す。該操作の後、上記と同様の単離精製法により該ポリペプチドの精製標品を得ることができる。

## 【0167】

本発明のポリペプチド、あるいは該ポリペプチドに糖鎖の付加されたポリペプチド等の誘導体が細胞外に分泌された場合には、培養上清に該ポリペプチドあるいは該ポリペプチドの誘導体を回収することができる。即ち、該培養物を上記と同様の遠心分離等の手法により処理することにより培養上清を取得し、該培養上清から、上記と同様の単離精製法を用いることにより、精製標品を得ることができる。

## 【0168】

上記の方法で取得されるポリペプチドが本発明のポリペプチドであり、例えば、配列番号3486～6969のいずれかに示されるアミノ酸配列を有するポリペプチドを挙げることができる。

更に、該ポリペプチドの有するアミノ酸配列において1以上のアミノ酸が欠失、置換または付加されたアミノ酸配列からなるポリペプチドも本発明に包含される。該ポリペプチドは、モレキュラー・クローニング第2版、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、Nucleic Acids Research, 10, 6487 (1982)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 79, 6409(1982)、Gene, 34, 315 (1985)、Nucleic Acids Research, 13, 4431 (1985)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82, 488 (1985)等に記載の部位特異的変異導入法を用いて、取得することができる。例えば、配列番号3486～6969のいずれかに示されるアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードするDNAに部位特異的変異を導入することにより、取得することができる。欠失、置換もしくは付加されるアミノ酸の数は特に限定されないが、上記の部位特異的変異法等の周知の方法により欠失、置換も

しくは付加できる程度の数であり、1～数十個、好ましくは1～20個、より好ましくは1～10個、さらに好ましくは1～5個である。

#### 【0169】

また、得られる変異ポリペプチドが、変異前のポリペプチドの有する活性と実質的に同一の活性を有するためには、変異前のポリペプチドの有するアミノ酸配列と、BLAST [J. Mol. Biol., 215, 403 (1990)] やFASTA [Methods in Enzymology, 183, 63-98 (1990)] 等の解析ソフトウェアで、デフォルト（初期設定）のパラメータを用いて計算した時に、少なくとも60%以上、通常は80%以上、特に95%以上の相同性を有していることが好ましい。

また、本発明のポリペプチドは、Fmoc法（フルオレニルメチルオキシカルボニル法）、tBoc法（t-ブチルオキシカルボニル法）等の化学合成法によっても製造することができる。また、Advanced ChemTech社製、パーキン・エルマー社製、Pharmacia社製、Protein Technology Instrument社製、Synthecell-Vega社製、PerSeptive社製、島津製作所等のペプチド合成機を利用して化学合成することもできる。

#### 【0170】

本発明の形質転換体は、本発明のポリペプチド生産以外の目的にも使用することができる。アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体等の生理活性物質の生合成経路、分解経路およびその調節機構は生物種により異なる。その相違を利用して、異種由来のそれらの生合成関連遺伝子を導入することで、それら生理活性物質の生産性を高めることが可能である。例えば、植物種子における必須アミノ酸の一つリジンの含有量は、細菌由来の生合成酵素遺伝子の導入により増大することが報告されている（W093/19190）。また、大腸菌由来のアルギニン生合成遺伝子をコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) に導入すると、アルギニンの過剰生産が起こることが報告されている（特公平5-23750）。

#### 【0171】

それらの生理活性物質の生産のための本発明の形質転換体の培養は、上記本発明のポリペプチド生産のための形質転換体の培養方法と同じ方法で行うことがで

きる。培養物からの該生理活性物質の採取も、イオン交換樹脂法、沈殿法、その他公知の方法の組み合わせで行うことができる。

#### 【 0 1 7 2 】

公知の方法とは、例えば宿主生物がバクテリアの場合、エレクトロポレーション、カルシウムトランスフェクション、プロトプラスト法、ウィルスを経る方法等であり、真核生物の場合はマイクロインジェクション、リン酸カルシウムトランスフェクション、陽性荷電脂質仲介法やウィルスを用いる方法等を挙げることができる〔モレキュラー・クローニング第2版、および、Spectorら、Cells/ a laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1998) 〕。宿主生物とは、原核生物、下等真核生物（たとえば酵母）、または高等真核生物（例えばほ乳類動物）、であり、それら生物から単離された細胞を含む。組換えポリヌクレオチド断片の宿主細胞内での存在形態としては、宿主染色体にインテグレートされてもよいし、染色体外で独立の複製単位を有する因子（例えばプラスミド）に組み込まれた形でもよい。これらの形質転換体は、本発明のコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) のゲノムのORFによりコードされるポリペプチドの他、本発明のポリヌクレオチドおよびその断片を生産するために用いることができる。あるいは、本発明のEMFの制御下で任意のポリペプチドを生産するため等に用いることができる。

#### 【 0 1 7 3 】

##### 1 0. 本発明のポリペプチドを認識する抗体の調製

本発明のポリペプチドまたは該ポリペプチドの部分断片ポリペプチドの精製標品、あるいは本発明のポリペプチドの一部のアミノ酸配列を有するペプチドを抗原として用いることにより、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体等、本発明のポリペプチドを認識する抗体を作製することができる。

#### 【 0 1 7 4 】

##### (1) ポリクローナル抗体の作製

本発明のポリペプチドまたは該ポリペプチドの部分断片ポリペプチドの精製標品、あるいは本発明のポリペプチドの一部のアミノ酸配列を有するペプチドを抗原として用い、動物に投与することによりポリクローナル抗体を作製することが

できる。

【0175】

投与する動物として、ウサギ、ヤギ、ラット、マウス、ハムスター等を用いることができる。

該抗原の投与量は動物1匹当たり50～100  $\mu$ gが好ましい。

ペプチドを用いる場合は、ペプチドをスカシガイヘモシアニン (keyhole limpet haemocyanin) や牛チログロブリンなどのキャリア蛋白に共有結合させたものを抗原とするのが望ましい。抗原とするペプチドは、ペプチド合成機で合成することができる。

【0176】

該抗原の投与は、1回目の投与の後1～2週間おきに3～10回行う。各投与後、3～7日目に眼底静脈叢より採血し、該血清が免疫に用いた抗原と反応することを酵素免疫測定法〔酵素免疫測定法 (ELISA法) : 医学書院刊 (1976年)、Antibodies-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory (1988)〕等で確認する。

【0177】

免疫に用いた抗原に対し、その血清が十分な抗体価を示した非ヒト哺乳動物より血清を取得し、該血清を分離、精製することによりポリクローナル抗体を取得することができる。

分離、精製する方法としては、遠心分離、40～50%飽和硫酸アンモニウムによる塩析、カプリル酸沈殿 [Antibodies, A Laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory, (1988)]、またはDEAE-セファロースカラム、陰イオン交換カラム、プロテインAまたはG-カラムあるいはゲル濾過カラム等を用いるクロマトグラフィー等を、単独または組み合わせて処理する方法が挙げられる。

【0178】

(2) モノクローナル抗体の作製

(a) 抗体産生細胞の調製

免疫に用いた本発明のポリペプチドの部分断片ポリペプチドに対し、その血清

が十分な抗体価を示したラットを抗体産生細胞の供給源として供する。

【0179】

該抗体価を示したラットに抗原物質を最終投与した後3～7日目に、脾臓を摘出する。

該脾臓をMEM培地（日水製薬社製）中で細断し、ピンセットでほぐし、1, 200 rpmで5分間遠心分離した後、上清を捨てる。

【0180】

得られた沈殿画分の脾細胞をトリス-塩化アンモニウム緩衝液（pH 7.65）で1～2分間処理し赤血球を除去した後、MEM培地で3回洗浄し、得られた脾細胞を抗体産生細胞として用いる。

(b) 骨髓腫細胞の調製

骨髓腫細胞としては、マウスまたはラットから取得した株化細胞を使用する。例えば、8-アザグアニン耐性マウス（BALB/c由来）骨髓腫細胞株P3-X63Ag8-U1（以下、P3-U1と略す）[Curr. Topics. Microbiol. Immunol., 81, 1 (1978)、Europ. J. Immunol., 6, 511 (1976)]、SP2/0-Ag14(SP-2) [Nature, 276, 269 (1978)]、P3-X63-Ag8653(653) [J. Immunol., 123, 1548 (1979)]、P3-X63-Ag8(X63) [Nature, 256, 495 (1975)]等を用いることができる。これらの細胞株は、8-アザグアニン培地[RPMI-1640培地にグルタミン（1.5 mmol/l）、2-メルカプトエタノール（ $5 \times 10^{-5}$  mol/l）、ジェンタマイシン（10  $\mu$ g/ml）および牛胎児血清（FCS）（CSL社製、10%）を加えた培地（以下、正常培地という）に、さらに8-アザグアニン（15  $\mu$ g/ml）を加えた培地で継代するが、細胞融合の3～4日前に正常培地で培養し、融合には該細胞を $2 \times 10^7$ 個以上用いる。

【0181】

(c) ハイブリドーマの作製

(a)で取得した抗体産生細胞と(b)で取得した骨髓腫細胞をMEM培地またはPBS（リン酸二ナトリウム1.83 g、リン酸一カリウム0.21 g、食塩7.65 g、蒸留水1リットル、pH 7.2）でよく洗浄し、細胞数が、抗体産生細胞：骨髓腫細胞＝5～10：1になるよう混合し、1, 200 rpmで5分間遠

心分離した後、上清を捨てる。

【0182】

得られた沈殿画分の細胞群をよくほぐし、該細胞群に、攪拌しながら、37℃で、 $10^8$ 抗体産生細胞あたり、ポリエチレングライコール-1000 (PEG-1000) 2 g、MEM 2 ml およびジメチルスルホキシド (DMSO) 0.7 ml を混合した溶液を0.2~1 ml 添加し、さらに1~2分間毎にMEM 培地 1~2 ml を数回添加する。

【0183】

添加後、MEM培地を加えて全量が50 ml になるように調製する。該調製液を900 rpmで5分間遠心分離後、上清を捨てる。得られた沈殿画分の細胞を、ゆるやかにほぐした後、メスピペットによる吸込み、吹出しでゆるやかにHAT培地〔正常培地にヒポキサンチン ( $10^{-4}$  mol/l)、チミジン ( $1.5 \times 10^{-5}$  mol/l) およびアミノプテリン ( $4 \times 10^{-7}$  mol/l) を加えた培地〕100 ml 中に懸濁する。

【0184】

該懸濁液を96穴培養用プレートに100  $\mu$ l/穴ずつ分注し、5%CO<sub>2</sub>インキュベーター中、37℃で7~14日間培養する。

培養後、培養上清の一部をとりアンチボディイズ [Antibodies, A Laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Chapter 14 (1988)] 等に述べられている酵素免疫測定法により、本発明のポリペプチドの部分断片ポリペプチドに特異的に反応するハイブリドーマを選択する。

【0185】

酵素免疫測定法の具体例として、以下の方法を挙げることができる。

免疫の際、抗原に用いた本発明のポリペプチドの部分断片ポリペプチドを適当なプレートにコートし、ハイブリドーマ培養上清もしくは後述の(d)で得られる精製抗体を第一抗体として反応させ、さらに第二抗体としてビオチン、酵素、化学発光物質あるいは放射線化合物等で標識した抗ラットまたは抗マウスイムノグロブリン抗体を反応させた後に標識物質に応じた反応を行い、本発明のポリペプチドに特異的に反応するものを本発明のモノクローナル抗体を生産するハイブリ

ドーマとして選択する。

【0186】

該ハイブリドーマを用いて、限界希釈法によりクローニングを2回繰り返し〔1回目は、HT培地（HAT培地からアミノプテリンを除いた培地）、2回目は、正常培地を使用する〕、安定して強い抗体価の認められたものを本発明のモノクローナル抗体を産生するハイブリドーマ株として選択する。

【0187】

(d)モノクローナル抗体の調製

プリスタン処理〔2, 6, 10, 14-テトラメチルペンタデカン (Pristane) 0.5mlを腹腔内投与し、2週間飼育する〕した8~10週令のマウスまたはヌードマウスに、(c)で取得した本発明のポリペプチドモノクローナル抗体産生ハイブリドーマ細胞 $5 \sim 20 \times 10^6$ 細胞/匹を腹腔内に注射する。10~21日間でハイブリドーマは腹水癌化する。

【0188】

該腹水癌化したマウスから腹水を採取し、3,000rpmで5分間遠心分離して固形分を除去する。

得られた上清より、ポリクローナルで用いた方法と同様の方法でモノクローナル抗体を精製、取得することができる。

【0189】

抗体のサブクラスの決定は、マウスモノクローナル抗体タイピングキットまたはラットモノクローナル抗体タイピングキットを用いて行う。ポリペプチド量は、ローリー法あるいは280nmでの吸光度より算出する。

上記で取得される抗体は本発明の抗体である。

【0190】

該抗体は、抗体を用いた通常のアッセイ、即ち、ラジオイムノアッセイ (RIA)、競合的結合アッセイ、免疫組織化学染色法 (ABC法、CSA法など)、免役沈降法、ウェスタンブロット分析、ELISAアッセイ等に用いることができる [An Introduction to Radioimmunoassay and Related Techniques, エルセビア・サイエンス出版社 (1986)、Techniques in Immunocytochemistry, アカデミ

ック・プレス第1巻(1982), 第2巻(1983), 第3巻(1985)、Practice and Theory of Enzyme Immunoassays, エルセビア・サイエンス出版社(1985)、酵素免疫測定法 (E L I S A 法) : 医学書院刊 (1 9 7 6 年)、Antibodies-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory (1988)、単クローン抗体実験マニュアル (講談社サイエンティフィック) (1987)、続生化学実験講座 5, 免役生化学研究法 (東京化学同人) (1986) ]。

【 0 1 9 1 】

本発明の抗体はそのまま、あるいは標識して用いることができる。

標識としては、ラジオアイソトープ、アフィニティー標識 (ビオチン、アビジンなど) 酵素標識 (西洋ワサビペルオキシダーゼ、アルカリホスファターゼなど)、蛍光標識 (F I T C またはローダミンなど)、常磁性原子を用いた標識を挙げることができる [J. Histochem. Cytochem., 18, 315 (1970), Meth. Enzym., 62, 308 (1979), Immunol., 109, 129 (1972), J. Immunol. Meth., 13, 215 (1979)]。

【 0 1 9 2 】

標記アッセイ法、後述のポリペプチドアレイあるいはプロテオーム解析法により、該抗体あるいは該標識抗体を用い、コリネバクテリウム属に属する微生物における本発明のポリペプチドの発現、該発現の変動、該ポリペプチドの構造変化の有無、コリネバクテリウム属に属する微生物以外の生物における本発明のポリペプチドに相応するポリペプチドの存在の有無を解析することができる。

【 0 1 9 3 】

また、本発明の抗体を用いたイムノアフィニティークロマトグラフにより、該抗体の認識するポリペプチドを精製することができる。

1 1. ポリペプチドアレイの作製および利用

(1) ポリペプチドアレイの作製

上記 1 0. で取得される本発明の抗体を用いポリペプチドアレイを作製することができる。

【 0 1 9 4 】

本発明のポリペプチドアレイは、本発明の抗体を固体支持体の表面に複数固着



させたものをいう。

固体支持体としては、ポリカーボネートのようなプラスチック、ポリアクリルアミドのようなアクリル樹脂、アガロースおよびセファロースのような複合炭水化物、シリカもしくはシリカベースの材料、カーボン、金属、無機ガラス、ラテックスビーズ等を用いることができる。

【 0 1 9 5 】

本発明の抗体を、Handbook of Experimental Immunology 4<sup>th</sup> edition Blackwell Scientific Publications chapter10 (1986)、Meth. Enzym., 34, (1974)、Advances in Experimental Medicine and Biology, 42 (1974)、US4,681,870、US4,282,287、US4,762,881、等に記載の方法に準じて、固体支持体表面へ固着することができる。

【 0 1 9 6 】

固体支持体へ本発明の抗体を高密度に固着することにより、後述の解析を効率よく実施可能であるが、必ずしも高密度である必要はない。

(2) ポリペプチドアレイの利用

上記(1)で作製されたポリペプチドアレイを用い、コリネバクテリウム属に属する微生物のポリペプチドの発現量の解析を行うことが可能となる。

【 0 1 9 7 】

即ち、コリネバクテリウム属に属する微生物の変異株由来遺伝子について、下記(i)～(iv)の工程を実施することにより、該遺伝子の発現量を解析することができる。

(i) 上記(1)の方法でポリペプチドアレイを作製する工程

(ii) (i)の工程で作製されたポリペプチドアレイを用い、該ポリペプチドアレイ上に固定化された本発明の抗体とコリネバクテリウム属に属する微生物由来のポリペプチドとをインキュベートする工程

(iii) アレイ上に固定化された抗体と結合したポリペプチドを標識した本発明の抗体を用いて検出する検出工程

(iv) 該検出結果を解析する解析工程

コリネバクテリウム属に属する微生物由来のポリペプチドとして、培養経時に

応じて取得されたポリペプチドを用いることにより、特定のポリペプチドの発現変動を追跡することができる。該変動を把握することにより、培養条件を最適化することが可能となる。

## 【0198】

コリネバクテリウム属に属する微生物の変異株由来のポリペプチドを用いた場合には、変異ポリペプチドを検出することができる。

## 12. プロテオーム解析による変異株における有用変異の同定

プロテオーム(proteome)とは、蛋白質(ptorein)とゲノム(genome)からなる造語で、遺伝子の発現をポリペプチドのレベルで調べる方法である。通常、ポリペプチドを2次元電気泳動で分離し、分離されたポリペプチドを酵素消化後、質量分析計(MS)とデータベース検索を用いて、該ポリペプチドを同定する方法を指す。

## 【0199】

2次元電気泳動とは、原理の異なる2種類の電気泳動を組み合わせて行う電気泳動法のことである。例えば、1次泳動をポリペプチドの分子量で分離し、次いでゲルを90度または、180度回転させ、等電点で2次泳動し、分離することによりさまざまな分離パターンを実現させることができる。[JIS K 3600 2474]

データベース検索には、上記2. および7. で作製されたデータベースおよび本発明の記録媒体を利用することができる。

## 【0200】

コリネバクテリウム属に属する微生物および該微生物の変異株をそれぞれプロテオーム解析することにより、変動の認められたポリペプチドを同定することが可能である。

例えば、コリネバクテリウム・グルタミクムにおいては、リジンの生産性の向上に応じて、配列番号303で示されるアミノ酸配列を有するカタラーゼの生産量が、変異株において増加していることが解析できる。

以下に本発明の実施例を示す。

## 【0201】

## 【実施例】

# 実施例 1 コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ゲノムの全塩基配列決定

コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ゲノムの全塩基配列決定は全ゲノムショットガン法 (Fleischmannら、Science 269:496-512 (1995)) を基本とした。この方法では、ゲノムライブラリーを作成し、その末端配列をランダムに決定し、その配列をコンピューター上で連結し、全ゲノムを覆っていった。具体的には以下のように行った。

## 【0202】

### (1) コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032株ゲノムDNAの調製

コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032株を1%グリシンを含むBY培地 (肉エキス7g/L、ペプトン10g/L、塩化ナトリウム3g/L、酵母エキス5g/L、pH 7.2) 50mlで30℃にて終夜培養し、遠心分離により菌体を回収した。STEバッファー (10.3% sucrose、25 mmole/L Tris塩酸塩、25 mmole/Lエチレンジアミン四酢酸 (以下、EDTAと略記)、pH 8.0) で菌体を洗浄した後、10 mg/mlのリゾチームを含むSTEバッファー10 mlに懸濁し、37℃で1時間緩やかに振とうした。10% SDSを2 ml添加して溶菌させ、65℃で10分間保持したのち、常温まで冷却した。10 mlのTris中和フェノールを加え、室温で30分間緩やかに振とうした後、遠心分離 (15,000×g、20分間、20℃) を行った。水層を分取し、同様の操作でフェノール/クロロホルム抽出、クロロホルム抽出 (2回) を行った後、水層に1/10量の3 mole/L酢酸ナトリウム溶液 (pH 5.2)、2倍量のイソプロパノールを加え、緩やかに混和し、ゲノムDNAを沈殿させた。再びゲノムDNAを0.02 mg/mlのRNaseを含むTEバッファー (10 mmole/L Tris塩酸塩、1 mmole/L EDTA、pH8.0) 3 mlに溶解し、37℃にて45分間保持した後、上記と同様にフェノール抽出、フェノール/クロロホルム抽出、クロロホルム抽出を行った。イソプロパノール沈殿を行い、生じたゲノムDNA沈殿を70%エタノールで3回洗浄した後、風乾し、1.25 mlのTEバッファーに溶解して、ゲノムDNA溶液 (濃度0.1 mg/ml) を得た。

## 【0203】

## (2) ショットガンライブラリーの作製

調製したコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株ゲノムDNA 0.01 mgを、全量0.4 mlになるようにTEバッファーを加え、ソニケーター (yamato powersonic model 50) で、出力20で連続5秒間処理し、1~10 kbの断片に分断した。DNAブランチングキット (宝酒造社製) を用いて、ゲノム断片の末端を平滑化したのち、6%ポリアクリルアミドゲル電気泳動により分画した。1~2kbのゲノム断片をゲルから切り出し、0.3 mlのMG溶出バッファー (0.5 mole/L酢酸アンモニウム、10 mmole/L酢酸マグネシウム、1 mmole/L EDTA、0.1% SDS) を加え、37℃で終夜振とうしてDNAを溶出した。DNA溶出液をフェノール/クロロホルム処理後、エタノール沈殿しゲノムライブラリーインサートを得た。T4リガーゼ (宝酒造社製) を用いて、インサート全量とpUC18 *Sma*I/BA P (Amersham Pharmacia Biotech社製) 500 ngとを16℃で、40時間ライゲーションした。

## 【0204】

ライゲーション反応物をエタノール沈殿し、0.01 mlのTEバッファーに溶解した。大腸菌ELECTRO MAX DH10B (Life Technologies社製) 0.04 mlに対して0.001 mlのライゲーション溶液を、添付実験書に示された条件で、エレクトロポレーションにより導入した。これをアンピシリン0.1 mg/ml、X-gal 0.1 mg/ml、イソプロピル-β-D-チオガラクトピラノシド (IPTG) 1 mmole/Lを含むLB平板培地 (寒天を1.6%含むLB培地 [バクトトリプトン10g/L、酵母エキス5g/L、塩化ナトリウム10g/L、pH7.0]) に塗布し、37℃終夜培養した。

## 【0205】

該平板培地上に形成されたコロニーより得られた形質転換体を、アンピシリン0.1 mg/mlを含むLB培地0.05 mlを添加した96穴タイタープレート中で、37℃終夜静置培養した後、20%グリセロールを含むLB培地を0.05 ml加え、攪拌してグリセロールストックとして用いた。

## 【0206】

## (3) コスミドライブラリーの作成

コリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC1303

2株ゲノムDNA約0.1 mgをSau3AI(宝酒造社製)で部分消化し、10% および40% sucroseバッファー (1 mole/L NaCl、20 mmole/L Tris塩酸塩、5 mmole/L EDTA、10% 又は40% sucrose、pH8.0) を用いて作製した10-40%ショ糖密度勾配を用いて、超遠心分離 (26,000rpm、18時間、20℃) を行った。遠心分離後1mlずつチューブに分取し、アガロースゲル電気泳動で各画分のDNA断片長を確認した後、40kbのDNA断片を多く含む画分をエタノール沈殿した。

## 【 0 2 0 7 】

このDNA断片をsuperCos1(Stratagene社製)のBamHI部位に、添付実験手順書に従い連結した。連結産物は、Gigapack III Gold Packaging Extract (Stratagene社製) を用いて、添付実験手順書に従い、大腸菌XL1-BlueMR (Stratagene社製) 株に導入した。これをアンピシリン0.1 mg/mlを含むLB平板培地に塗布し、37℃で終夜培養し、コロニーを単離した。得られたコロニーは、96穴タイタープレートでアンピシリン0.1 mg/mlを含むLB培地各ウェル0.05 mlで37℃終夜静置培養した後、20%グリセロールを含むLB培地を0.05 ml加え、攪拌してグリセロールストックとした。

## 【 0 2 0 8 】

## (4) 塩基配列の決定

## (4-1) 鋳型の調製

コリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032株ゲノムの全塩基配列を全ゲノムショットガン法を基本にして決定した。該方法で用いた鋳型は上記(2)で調製したライブラリーよりPCR法を用いて調製した。

## 【 0 2 0 9 】

具体的には、アンピシリン0.1 mg/mlを含むLB培地をウェルあたり0.08 mlずつ分注した96穴タイタープレートに全ゲノムショットガンライブラリー由来クローンをレプリケーター (GENETIX社製) で植菌し、37℃で終夜静置培養を行った。

## 【 0 2 1 0 】

該培養液を、TaKaRa Ex Taq (宝酒造社製) を用いてPCR用反応液を0.025 mlずつ分注した96穴リアクションプレート (PE Biosystems社製) に、コピープレー

ト（トッケン社製）を用いて移し、GeneAmp PCR System 9700（PE Biosystems社製）を用い、牧野らのプロトコール [Makinoら、DNA Research 5, 1-9 (1998)] に従いPCRを行い、挿入断片の増幅を行った。

【 0 2 1 1 】

PCR産物精製用キット（Amersham Pharmacia Biotech社製）により余剰プライマーおよびヌクレオチドの除去を行い、これをシーケンス反応の鋳型として用いた。

一部の塩基配列決定は2本鎖DNAプラスミドを鋳型にして行った。

【 0 2 1 2 】

鋳型として用いる2本鎖DNAプラスミドは以下の方法で取得した。

アンピシリン0.05 mg/mlを含む2xYT培地（バクトトリプトン16g/L、酵母エキス10g/L、塩化ナトリウム5g/L、pH7.0）を1.5 mlずつ分注した24穴または96穴プレートの各ウェルに、全ゲノムショットガンライブラリー由来クローンを植菌し、37℃で終夜振とう培養を行った。

【 0 2 1 3 】

該培養液より、プラスミド自動調製機KURABO PI-50（倉敷紡績社製）またはマルチスクリーン（Millipore社製）を用い、倉敷紡績社もしくはMillipore社のプロトコールに従って、2本鎖DNAプラスミドを調製した。

マルチスクリーンを用いて得られた2本鎖DNAプラスミドの精製には、ベックマンコールター社のバイオメック2000等を用いた。

【 0 2 1 4 】

得られた2本鎖DNAプラスミドを0.1mg/ml程度になるように水に溶解し、シーケンス用の鋳型として用いた。

（ 4 - 2 ） シーケンス反応

ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit（PE Biosystems社製）溶液6  $\mu$  lに対し、M13順方向（M13-21）プライマー又はM13逆方向（M13REV）プライマー [Makinoら、DNA Research 5, 1-9 (1998)]、および上記（ 4 - 1 ）で調製した鋳型（PCR産物又はプラスミド）を混ぜ10  $\mu$  lのシーケンス反応液とした。プライマーおよび鋳型の量は各々1.6 pmoleおよび50～200 ng

である。

#### 【 0 2 1 5 】

該反応液を用い、GeneAmp PCR System 9700 (PE Biosystems社製)で45サイクルのダイターミネーターシーケンス反応を行った。サイクルパラメーターはABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kitに付属するマニュアルに従った。サンプルの精製はMultiScreen HV plate (Millipore社製)を用い、Millipore社のマニュアルに従って行った。精製された反応物はエタノール沈殿、乾燥の後、-30℃の暗所で保存した。

#### 【 0 2 1 6 】

ABI PRISM 377 DNA Sequencer およびABI PRISM 3700 DNA Analyser (いずれもPE Biosystems社製)を用い、付属のマニュアルに従い、該乾燥反応物を分析した。

377 DNA Sequencerで得られた約42000配列と3700 DNA Analyserで得られた約8000反応の合計約50000配列のデータは、サーバー (アルファサーバー4100; COMPAQ社製) へ転送し保存した。約50000配列分のデータは、ゲノムサイズの約6倍に相当した。

#### 【 0 2 1 7 】

##### (5) アセンブリ

全ての作業はUnixプラットフォームに基づき行い、解析結果の出力はXウィンドウシステムを用いマッキントッシュプラットフォームで行った。ベースコールをphred (The University of Washington) で、ベクター配列の除去をSPS Cross #Match (Southwest Parallel Software社製) で行い、アセンブリを phrap (The University of Washington) の高速版であるSPS Phrap (Southwest Parallel Software社製) で行った。アセンブリの結果得られるコンティグはグラフィカルエディター-consed(The University of Washington)を用いて解析した。ベースコールからアセンブリまでの一連の作業はconsedに付属するスクリプトphredPhrapを利用することで一括して行った。

#### 【 0 2 1 8 】

##### (6) ギャップ部分の塩基配列決定

(3) で構築したコスミドライブラリー中の各コスミドを(4-1)に記載した2本鎖DNAプラスミド調製と同様な方法で調製した。このコスミドの挿入断片末端部の塩基配列をABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (PE Biosystems社製)を用いて、付属するマニュアルに従って決定した。

#### 【 0 2 1 9 】

コスミド約800クローンの挿入断片の両末端のシーケンシングを行い、その配列と一致する(5)で得られたショットガンシーケンシング由来コンティグ中の塩基配列を検索した。この作業により各コスミドクローンと各コンティグの連鎖関係を解明し、相互整列化を行った。また、この結果をコリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株のフィジカルマップ [Batheら、Mol Gen Genet 252:255-265(1996)] と対応させることにより、コスミドとコンティグのマッピングを行った。

#### 【 0 2 2 0 】

また、コンティグではカバーされない領域(ギャップ部)の配列は、以下の方法で決定した。

コンティグの末端に位置する配列を含むクローンを選抜した。これらの中から、挿入断片の片側の末端のみの配列しか決定されていない約1000クローンを選抜して、挿入断片の逆末端の配列を決定した。引き続き、2つのコンティグに、挿入断片のそれぞれの末端の配列が含まれるような全ゲノム由来ショットガンライブラリークローンまたはコスミドクローンを同定し、該クローンの挿入断片の全塩基配列を決定することにより、このギャップ部分の塩基配列を決定した。ギャップ部分をカバーするショットガンライブラリークローンもしくはコスミドクローンがない場合には、そのコンティグ末端の配列に相補するプライマーを作成し、PCRによってギャップ領域のDNA断片を増幅し、これを鋳型としたプライマーウォーキング法、もしくは増幅したPCR断片から調製したショットガンクローンの配列を決定するショットガン法によりシーケンシングを行い、該領域の塩基配列を決定した。

#### 【 0 2 2 1 】



配列精度の低い領域については、consed(The University of Washington) のAUTOFINISH機能とNAVIGATING機能を利用してプライマーを合成し、プライマーウォーキング法により配列決定を行い配列精度を高めた。このようにして決定したコリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032 株ゲノムの全塩基配列を配列番号 1 に示す。

## 【 0 2 2 2 】

## ( 7 ) ORF の同定と機能推定

配列番号 1 に示される塩基配列中のORFの同定は、以下のように実施した。まず、UNIXプラットフォーム上にてORF同定ソフトウェアGlimmer、GeneMark、GeneMark. hmmおよびGeneHackerを用いて、ソフトウェアに付属するマニュアルに従って、ORF領域の推定を行った。

## 【 0 2 2 3 】

それらの結果をもとに、配列番号 1 に示される塩基配列中のORFを同定した。

ORFの機能推定は、同定されたORFのアミノ酸配列をSwiss-Prot、PIR、GeneBankデータベース由来の蛋白質コード領域からなるデータベースであるGenpept等のアミノ酸データベースに対して、相同性検索ソフトウェアFrameSearch (CompuGen社製) を用いた相同性検索することにより行った。このようにして決定したORFの塩基配列を配列番号 2 ～ 3 4 8 5 に、また当該ORFにコードされるアミノ酸配列を配列番号 3 4 8 6 ～ 6 9 6 9 に示す。

## 【 0 2 2 4 】

相同性検索ソフトウェアFrameSearch (CompuGen社) によるアミノ酸翻訳配列での相同性検索の結果、該ORF配列と最も相同性が高いと判定される配列の上記データベースにおける登録番号およびその配列の遺伝子名、その遺伝子の機能、並びに該公知のアミノ酸翻訳配列との比較における同一性および類似性を第 1 - 1 ～ 第 1 - 1 8 0 表に示した。更に当該位置を、任意のORFの塩基配列と配列番号 1 の塩基配列とのアラインメントを取ることで確認した。ORF以外の塩基配列 (例えばリボソームRNA遺伝子やトランスファーRNA遺伝子、IS配列等) についても、同様にゲノム上の位置決定をした。コリネバクテリウム・グルタミクム (Corynebacterium glutamicum) ATCC13032株の代表的な遺伝子のゲノム上

の位置を図1に示した。

【0225】

【表1】

第1-1表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2	3486	1	1572	1572	gsp:R98523	Brevibacterium flavum dnaA	99.8	99.8	524	DnaA gene product
3	3487	1920	1597	324						
4	3488	2205	2077	129						
5	3489	2292	3473	1182	sp:DP38_MYCSM	Mycobacterium smegmatis dnaN	50.5	81.8	390	DNA polymerase III, beta chain
6	3490	3585	4766	1182	sp:REC6_MYCSM	Mycobacterium smegmatis recF	53.3	79.9	392	recF protein
7	3491	4766	5299	534	sp:YREG_STRCO	Streptomyces coelicolor yreG	35.1	58.1	174	ORF191
8	3492	5354	7486	2133	pir:S44198	Mycobacterium tuberculosis H37RV	71.9	88.9	704	DNA topoisomerase (ATP- hydrolyzing)
9	3493	7830	8795	966						
10	3494	9466	8798	669						
11	3495	9914	9474	441						
12	3496	9562	10071	510						
13	3497	11177	10107	1071	sp:YV11_MYGTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	29.4	50.7	422	NAGC/XYL R repressor
14	3498	11523	11263	261						
15	3499	11529	11714	186						
16	3500	11768	11523	246						
17	3501	11831	14398	2568	pir:D70698	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV0006_avrA	70.4	88.1	854	DNA gyrase subunit A
18	3502	14405	14746	342	pir:E70698	Mycobacterium tuberculosis H37RV	29.5	69.6	112	
19	3503	16243	15209	1035	sp:YE1H_EC0L1	Escherichia coli K-12 yeiH	33.7	63.5	329	
20	3504	16314	17207	894	gpu:AB042619_1	Hydrogenophilus thermoluteolus TH-1	27.6	62.3	268	LysR type transcriptional
21	3505	17251	17670	420						
22	3506	17708	17812	105						
23	3507	17724	17822	99						

【0226】

【表 2】

第 1-2 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
24	3508	18729	17860	870	gp:AF156103_2	Rhodobacter capsulatus ccda	29.1	57.4	265	c-type cytochrome biosynthesis protein
25	3509	19497	18736	762	pir:A49232	Coxiella burnetii com1	31.6	64.5	155	outer membrane protein
26	3510	19705	20073	369	pir:F70664	Mycobacterium tuberculosis H37RV	36.8	70.1	117	repressor
27	3511	20073	21065	993	gp:WLC81788_6	Rv1846c Mycobacterium leprae cosmid B1788	24.9	50.8	321	membrane protein
28	3512	21053	21145	93						
29	3513	21253	21074	180	pir:140838	Corynebacterium sp.	65.4	88.5	26	2,5-diketo-D-gluconic acid reductase
30	3514	21426	21524	99						
31	3515	21597	22124	528	sp:5NTD_V18PA	Vibrio parahaemolyticus nutA	27.0	56.1	196	5'-nucleotidase precursor
32	3516	22164	23399	1236	gp:AE001909_7	Deinococcus radiodurans DR0505	27.0	56.7	270	5'-nucleotidase family protein
33	3517	23779	23615	165	prf:2513302C	Corynebacterium	52.9	72.6	51	transposase
34	3518	24295	24729	435	prf:2413353A	Xanthomonas campestris phaseoli chr	51.8	79.9	139	organic hydroperoxide detoxication enzyme
35	3519	24911	25018	108						
36	3520	26297	24885	1413	sp:REGG_THIFE	Thiobacillus ferrooxidans regg	32.7	60.8	217	ATP-dependent DNA helicase
37	3521	28099	26822	1278	sp:AMVH_YEAST	Saccharomyces cerevisiae Y19019C	26.7	54.1	449	glucan 1,4-alpha- glucosidase
38	3522	29117	28164	954	gp:ERU52850_1	Erysipelothrix rhusiopathiae ew1A	28.9	63.7	311	lipoprotein
39	3523	29965	29117	849	gp:AF180520_3	Streptococcus pyogenes SF370 mtsC	34.6	74.1	266	integral membrane protein
40	3524	29995	30651	657	sp:FECE_ECOLI	Escherichia coli K12 fecE	39.2	70.3	222	iron(III) dicitrate transport ATP-binding protein
41	3525	30697	31677	981	pir:A72417	Thermotoga maritima MS88 TM0114	25.8	56.5	283	sugar ABC transporter, periplasmic sugar- binding protein

【0227】

【表 3】

第 1-3 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7≡/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
42	3526	31677	32699	1023	prf:12072438	Escherichia coli K12 rbsC	30.5	68.3	312	high affinity ribose transport protein
43	3527	32699	33457	759	sp:RBSA_BACSU	Bacillus subtilis 168 rbsA	32.2	76.7	236	ribose transport ATP- binding protein
44	3528	34280	33465	816	pir:151116	Petromyzon marinus	23.6	44.4	347	neurofilament subunit NF-180
45	3529	34339	34899	561	sp:CYP_A_MYCTU	Mycobacterium leprae H37RV RV0009_poiA	79.9	89.9	169	peptidyl-prolyl cis- trans isomerase A
46	3530	34982	35668	687	sp:YOGP_BACSU	Bacillus subtilis 168 yogP	29.2	53.1	226	
47	3531	37242	36247	996						
48	3532	37221	38198	978	sp:FEPG_ECOLI	Escherichia coli K-12 fepG	40.4	70.5	332	ferric enterobactin transport system permease protein
49	3533	38202	38978	777	gp:VQU52150_9	Vibrio cholerae viuC	51.8	81.8	253	ATPase
50	3534	38978	39799	822	sp:VIUB_VIBVU	Vibrio vulnificus M06- 24 viuB	26.2	52.7	260	vulnibactin utilization protein
51	3535	40458	40189	270	sp:Y011_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0011c	40.0	72.6	95	
52	3536	42513	40576	1938	sp:PKNB_MYCLE	Mycobacterium leprae pknB	40.6	68.7	648	serine/threonine- protein kinase
53	3537	42658	42762	105						
54	3538	43919	42513	1407	gp:AF094711_1	Streptomyces coelicolor pksC	31.7	59.1	486	serine/threonine protein kinase
55	3539	45347	43926	1422	gpu:AF241575_1	Streptomyces griseus	33.5	66.7	492	penicillin-binding stage V sporulation protein E
56	3540	46489	45347	1143	sp:SPSE_BACSU	Bacillus subtilis 168 spoVE	31.2	65.6	375	
57	3541	48021	46669	1353	pir:H70699	Mycobacterium tuberculosis H37RV ppp	44.1	70.8	469	phosphoprotein phosphatase
58	3542	48485	48024	462	pir:A70700	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0019c	38.7	66.5	155	

【0228】

【表 4】

第 1-4 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
59	3543	49368	48505	864	pir:870700	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0020c	23.6	38.8	526	
60	3544	49601	49455	147						
61	3545	50616	49397	720						
62	3546	50972	50754	219						
63	3547	51436	50966	471						
64	3548	53095	51626	1470	sp:GABD_EC001	Escherichia coli K-12 gabD	46.7	78.2	490	succinate-semialdehyde dehydrogenase (NAD(P)+)
65	3549	53633	53538	96						
66	3550	53055	54008	954						
67	3551	54080	55546	1467	sp:YRKH_BACSU	Bacillus subtilis yrkH	27.3	57.0	242	
68	3552	56417	55629	789	sp:Y441_METJA	Methanococcus jannaschii MJ0441	29.0	64.1	262	integral membrane protein
69	3553	56676	56386	291	sp:YRKF_BACSU	Bacillus subtilis yrkF	40.5	74.3	74	
70	3554	57270	56880	591	sp:YCG1_SYNY3	Synechocystis sp.	36.3	70.4	179	integral membrane
71	3555	57478	57651	174	pir:G70988	Mycobacterium tuberculosis H37RV	53.2	83.9	62	
72	3556	58087	58941	855						
73	3557	59091	59930	840	gp:LMFL4768_11	Leishmania major	26.8	50.7	310	
74	3558	59952	60662	711						
75	3559	60669	62321	1653						
76	3560	63508	62390	1119	pir:F70952	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1239c, corA	29.5	59.5	390	magnesium and cobalt transport protein
77	3561	64040	63594	447						
78	3562	64190	65458	1269	gp:AF179611_12	Zymomonas mobilis ZM4 fosmid clone 41E10	30.0	64.8	400	chloride channel protein
79	3563	66197	65508	690	sp:PNUC_SALTY	Salmonella typhimurium pnuC	24.1	53.1	241	required for NMN transport
80	3564	66851	67972	1122	sp:PHOL_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV2368C	29.1	60.0	340	phosphate starvation- induced protein-like protein
81	3565	68170	68301	132						

【0229】

【表 5】

第 1-5 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
82	3566	68634	68251	384	sp:CITM_BACSU	Bacillus subtilis citM	42.3	68.8	497	Mg2+/citrate complex secondary transporter
83	3567	70210	68720	1491						
84	3568	71462	71349	114	sp:DPIB_ECOLI	Escherichia coli K12	27.2	60.6	563	sensor kinase
85	3569	70506	72158	1653	sp:DPIA_ECOLI	Escherichia coli K12	33.2	63.3	229	transcription regulator
86	3570	72161	72814	654	gp:AF134895_1	Corynebacterium glutamicum unkdh	43.3	73.7	293	D-isomer specific 2- hydroxyacid
87	3571	73728	72817	912	gp:SCM2_3	Streptomyces coelicolor A3(2)	38.6	76.4	127	membrane protein
88	3572	73844	74272	429						
89	3573	74278	74379	102	sp:B10B_CORGL	Corynebacterium glutamicum bioB	99.4	99.7	334	biotin synthase
90	3574	74490	75491	1002	pir:H70542	Mycobacterium tuberculosis H37RV	72.1	79.1	43	
91	3575	75506	75742	237						
92	3576	75981	75730	252						
93	3577	76253	76023	231						
94	3578	76276	76398	123						
95	3579	76353	76469	117						
96	3580	78030	77920	111						
97	3581	78406	78191	216						
98	3582	79910	79656	255	sp:MSG5_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YNL053W	28.2	62.8	78	protein-tyrosine phosphatase
99	3583	83568	82120	1449	prf:2512333A	Streptomyces virginiae var S	25.6	59.0	507	virginiamycin S- specific transport
100	3584	84935	83691	1245	gp:D38505_1	Bacillus sp.	97.2	99.8	394	creatinine deaminase
101	3585	85403	85098	306						
102	3586	85374	85261	114						
103	3587	86277	85663	615						
104	3588	86318	87241	924	sp:HST2_YEAST	Saccharomyces cerevisiae hst2	26.2	50.2	279	silent information regulator 2 homologous
105	3589	88532	87561	972	prf:2316378A	Propionibacterium	30.7	59.0	251	triacylglycerol lipase
106	3590	89444	88545	900	prf:2316378A	Propionibacterium	29.4	56.1	262	triacylglycerol lipase
107	3591	89472	89570	99						

【0230】

【表 6】

第 1-6 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7≡/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
108	3592	89558	90445	888						
109	3593	90973	90461	513	gp:AB029154_1	Corynebacterium glutamicum ureR	90.6	94.7	171	transcription regulator
110	3594	91174	91473	300	gp:AB029154_2	Corynebacterium glutamicum ureA	99.0	100.0	100	urease structural protein
111	3595	91503	91988	486	gpu:GGL251883_2	Corynebacterium glutamicum ATCC13032	100.0	100.0	162	urease beta subunit
112	3596	91992	93701	1710	gpu:GGL251883_3	Corynebacterium glutamicum ATCC13032	100.0	100.0	570	urease alpha subunit
113	3597	93729	94199	471	gpu:GGL251883_4	Corynebacterium glutamicum ATCC13032	100.0	100.0	157	urease accessory protein
114	3598	94202	94879	678	gpu:GGL251883_5	Corynebacterium glutamicum ATCC13032	100.0	100.0	226	urease accessory protein
115	3599	94899	95513	615	gpu:GGL251883_6	Corynebacterium glutamicum ATCC13032	100.0	100.0	205	urease accessory protein
116	3600	95517	96365	849	gpu:GGL251883_7	Corynebacterium glutamicum ATCC13032	100.0	100.0	283	urease accessory protein
117	3601	97144	96368	777	prf:23183268	Agrobacterium radiobacter echa	21.2	48.4	279	epoxide hydrolase
118	3602	98470	97319	1152	gpu:AF148322_1	Streptomyces viridifaciens vImF	26.5	59.7	347	vanamycin resistant protein
119	3603	98498	98611	114						
120	3604	101582	98808	2775						
121	3605	103435	101612	1824	sp:HTPG_EC01	Escherichia coli K12	23.8	52.7	668	heat shock protein
122	3606	103494	104909	1416	sp:ANN_EC01	Escherichia coli K12	41.0	68.2	481	AMP nucleosidase
123	3607	105751	105173	579						
124	3608	106392	105841	552	pir:E72483	Aeropyrum pernix K1 APE2509	29.6	58.7	196	acetolactate synthase large subunit
125	3609	107289	106630	660						
126	3610	107435	110890	3456	sp:PUTA_SALTY	Salmonella typhimurium putA	25.8	50.4	1297	proline dehydrogenase/P5C
127	3611	111161	111274	114						
128	3612	111374	112318	945	sp:AAD_PHACH	Phanerochaete chrysosporium aad	30.2	60.7	338	aryl-alcohol dehydrogenase (NADP+)

【0231】

【表 7】

第 1-7 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
129	3613	112470	114083	1614	sp:Y0AH_EC0LI	Escherichia coli K12	36.5	71.4	513	pump protein
130	3614	114147	115478	1332	prf:2422424A	Enterobacter agglomerans	23.0	49.2	352	indole-3-acetyl-Asp hydrolase
131	3615	115578	115943	366	sp:Y0DH_EC0LI	Escherichia coli K-12 ydh	35.9	70.8	106	integral membrane protein
132	3616	115949	116263	315						
133	3617	118599	116548	2052						
134	3618	119589	118810	780	sp:ACCR_AGR1U	Agrobacterium tumefaciens accR	29.5	59.7	258	transcription repressor
135	3619	119765	119920	156						
136	3620	120021	120410	390	pir:G70019	Bacillus subtilis yurT	57.9	78.6	126	methylglyoxalase
137	3621	120922	120413	510	sp:Y086_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1276c	37.0	64.8	162	
138	3622	122459	120951	1509	prf:2309180A	Pseudomonas fluorescens mt1D	43.5	70.4	497	mannitol dehydrogenase
139	3623	123841	122507	1335	prf:2321326A	Klebsiella pneumoniae dalT	30.3	68.3	435	D-arabinitol transporter
140	3624	123842	124030	189						
141	3625	124130	124966	837	sp:GATR_EC0LI	Escherichia coli K-12 gatR	27.3	64.6	260	galactitol utilization operon repressor
142	3626	124932	126350	1419	sp:XYLB_STRRU	Streptomyces rubiginosus xylB	45.0	69.1	451	xylulose kinase
143	3627	127189	126353	837	gp:CGPAN_2	Corynebacterium glutamicum panC	100.0	100.0	279	pantoate-beta-alanine ligase
144	3628	127171	127992	822						
145	3629	128004	127192	813	gp:CGPAN_1	Corynebacterium glutamicum panB	100.0	100.0	271	3-methyl-2-oxobutanate hydroxymethyltransferase
146	3630	129049	128099	951						
147	3631	130118	129489	630	sp:3MG_ARATH	Arabidopsis thaliana mag	42.0	67.6	188	DNA-3-methyladenine glycosylase
148	3632	130145	130798	654						
149	3633	131738	130815	924	gp:AB029896_1	Petroleum-degrading bacterium HD-1 hde	39.3	69.3	270	esterase

【0232】



【表 8】

第 1-8 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
150	3634	131798	132424	627						
151	3635	132424	132981	558	sp:CAH_METTE	Methanosarcina thermophila	30.9	53.2	201	carbonate dehydratase
152	3636	134113	132971	1143	sp:XYLR_BACSU	Bacillus subtilis W23 xyLR	24.1	49.3	357	xylose operon repressor protein
153	3637	135478	134207	1272	gp:LLLPK214_12	Lactococcus lactis	21.1	61.2	418	macrolide efflux
154	3638	136321	135518	804						
155	3639	136565	136122	444						
156	3640	138804	138744	1941						
157	3641	138791	140329	1539						
158	3642	140329	141789	1461	pir:139714	Agrobacterium tumefaciens celA	24.3	51.2	420	cellulose synthase
159	3643	141919	141809	111						
160	3644	141796	143526	1731	sp:HKR1_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YDR420W	25.1	51.8	593	hansenula mrakii killer toxin-resistant protein
161	3645	143575	144639	1065						
162	3646	144725	145480	756						
163	3647	146396	145518	879	sp:RARD_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa rard	34.7	60.7	303	chloramphenicol- sensitive protein
164	3648	146522	147238	717	sp:YADS_EC0LI	Escherichia coli K12	30.3	59.1	198	integral membrane
165	3649	147238	147570	333						
166	3650	147980	147573	408	gp:AF116184_1	Corynebacterium glutamicum pand	100.0	100.0	136	L-aspartate-alpha- decarboxylase precursor
167	3651	148122	149780	1659						
168	3652	150930	149794	1137	sp:ABRB_EC0LI	Escherichia coli K12	32.4	62.3	361	transport protein
169	3653	151589	150966	624						
170	3654	151572	152369	798	sp:YFCA_EC0LI	Escherichia coli K12	34.7	70.2	248	structural protein
171	3655	152410	152814	405						
172	3656	155613	153226	2388	sp:HRPB_EC0LI	Escherichia coli K12	33.8	64.3	829	ATP-dependent helicase
173	3657	155853	156167	315						
174	3658	156821	156147	675	sp:NODL_RHLV	Rhizobium leguminosarum bv. viciae plasmid pRL1J1	40.4	66.0	188	modulation protein

【0233】

【表 9】

第 1-9 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
175	3659	156848	157537	690	sp:ALK8_ECOLI	Escherichia coli o373#1, alk8	34.7	60.7	219	DNA repair system specific for alkylated
176	3660	157614	158138	525	sp:3Mg1_ECOLI	Escherichia coli tag	39.8	65.1	166	DNA-3-methyladenine glycosylase I
177	3661	158154	158831	678	sp:RHC_ECOLI	Escherichia coli rhtC	34.1	61.3	217	threonine efflux
178	3662	158869	159159	291	sp:YAAA_BACSU	Bacillus subtilis yaaA	50.9	72.7	55	
179	3663	159162	160013	852	prf:2510326B	Streptomyces paucatus dnv	31.0	52.1	284	doxorubicin biosynthesis enzyme
180	3664	160029	160370	342	sp:SPAC1250_3	Schizosaccharomyces pombe SPAC1250.04c	35.6	56.7	104	methyltransferase
181	3665	160431	161360	930						
182	3666	162295	161363	933						
183	3667	162390	162295	96						
184	3668	162463	162867	405	gpu:AE002420_1 3	Neisseria meningitidis MC58 NMB0662	41.5	76.3	118	ribonuclease
185	3669	162965	163603	639						
186	3670	165755	163689	2067	gpu:AF176569_1	Mus musculus n11	28.5	57.2	722	neprilysin-like metallopeptidase 1
187	3671	165717	166457	741						
188	3672	166457	167419	963						
189	3673	168595	167837	759	sp:FARR_ECOLI	Escherichia coli K-12 farr	29.8	65.6	238	fatty acyl-responsive regulator (p30 protein)
190	3674	168975	169991	1017	pir:T14544	Beta vulgaris	28.6	63.0	332	fructokinase
191	3675	169996	170916	921	gpu:SC8F11_3	Streptomyces coelicolor A3(2)	52.7	80.7	296	histidine kinase protein
192	3676	170933	172444	1512	prf:2204281A	Streptomyces coelicolor msdA	61.0	86.1	498	methylmalonic acid semialdehyde
193	3677	172468	173355	888	sp:IOLB_BACSU	Bacillus subtilis iolB	33.2	58.2	268	myo-inositol catabolism
194	3678	173548	175275	1728	sp:IOID_BACSU	Bacillus subtilis iolD	41.0	69.8	586	myo-inositol catabolism
195	3679	175319	176272	954	sp:MOCC_RHME	Rhizobium meliloti mocC	29.7	51.0	290	rhizopine catabolism protein
196	3680	176308	177318	1011	sp:M12D_BACSU	Bacillus subtilis iolG	39.1	72.2	335	myo-inositol 2- dehydrogenase
197	3681	177334	178203	870	sp:IOIH_BACSU	Bacillus subtilis iolH	44.6	72.1	287	myo-inositol catabolism

【0234】

【表 10】

第 1-10 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
198	3682	178285	179658	1374	sp:TCMA_STRGA	Streptomyces glaucescens tomA	30.9	61.5	457	tetracycline C resistance and export protein
199	3683	179689	180711	1023	sp:YVAA_BACSU	Bacillus subtilis yvaA	31.1	65.5	354	oxidoreductase
200	3684	180842	181297	456						
201	3685	181264	181647	384						
202	3686	182679	181687	993	gp:SRE9798_1	Streptomyces reticuli cebR	32.0	61.9	331	regulator protein
203	3687	182819	184051	1233	sp:Y4HM_RHISN	Rhizobium sp. NGR234	24.4	52.5	442	oxidoreductase
204	3688	184077	185087	1011	sp:YFIH_BACSU	Bacillus subtilis yfih	33.7	64.7	303	
205	3689	185214	185642	429						
206	3690	186508	186708	201	sp:CSP_ART60	Streptomyces coelicolor A3(2) osp	70.3	92.2	64	cold shock protein
207	3691	186769	187302	534						
208	3692	187302	187607	306						
209	3693	187687	188100	414	prf:2113413A	Stellaria longipes	30.6	58.2	134	caffeoyl-CoA 3-O- methyltransferase
210	3694	188122	188256	135						
211	3695	188725	188300	426						
212	3696	189736	188747	990	sp:CCPA_BACSU	Bacillus subtilis ccpA	28.7	62.1	338	glucose-resistance enzyme regulator
213	3697	189920	190321	402						
214	3698	190628	190389	240						
215	3699	192175	190703	1473	sp:XYLT_LACBR	Lactobacillus brevis	36.0	70.5	458	D-xylose proton-
216	3700	192435	192533	99						
217	3701	193262	194464	1203	gp:AF189147_1	Corynebacterium glutamicum tnp	100.0	100.0	401	transposase
218	3702	194480	194632	153						
219	3703	195038	194604	435	sp:FIXL_RHIME	Rhizobium meliloti	27.6	60.7	145	sensor kinase
220	3704	195240	199769	4530	gp:AB024708_1	Corynebacterium glutamicum gltB	99.9	100.0	1510	glutamine 2- oxoglutarate aminotransferase large

【0235】

【表 1 1】

第 1-11 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
221	3705	199772	201289	1518	gp:AB024708_2	Corynebacterium glutamicum gltD	99.4	99.8	506	glutamine 2- oxoglutarate aminotransferase small
222	3706	201580	201341	240						
223	3707	201775	201620	156						
224	3708	203244	201760	1485	pir:C70793	Mycobacterium tuberculosis H37RV	44.6	72.8	496	
225	3709	205471	205581	111						
226	3710	207011	203541	3471	prf:2224383C	Mycobacterium avium	39.8	70.6	1122	arabinosyl transferase
227	3711	208989	207007	1983	pir:D70697	Mycobacterium tuberculosis H37RV	35.0	66.1	651	membraneprotein
228	3712	209968	209210	759	prf:2504279B	Pseudomonas sp. phb8	31.4	56.5	223	acetoacetyl-CoA
229	3713	211455	209992	1464	pir:B70697	Mycobacterium tuberculosis H37RV	66.0	85.1	464	oxidoreductase
230	3714	211768	211535	234						
231	3715	211777	212283	507						
232	3716	212283	212735	453						
233	3717	212656	213657	1002	gp:LMA243459_1	Leishmania major ppg1	24.3	57.4	350	proteophosphoglycan
234	3718	213712	214107	396	sp:Y06N_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	60.5	83.9	124	
235	3719	214121	214522	402						
236	3720	214527	215159	633	pir:H70666	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1864c	43.2	73.8	206	
237	3721	216100	215162	939	pir:B70696	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3782, rfbE	63.6	79.1	302	rhamnosyl transferase
238	3722	216264	216605	342						
239	3723	216712	216116	597	gp:AB016260_10	Agrobacterium tumefaciens plasmid pTI-SAKURA tiorf100	31.3	55.1	214	
240	3724	216947	216843	105						
241	3725	217929	217141	789	sp:RFBE_YEREN	Yersinia enterocolitica rfbE	47.0	78.4	236	O-antigen export system ATP-binding protein

【0 2 3 6】

【表 12】

第 1-12 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
242	3726	218746	217943	804	sp:RFBD_YEREN	<i>Yersinia enterocolitica</i> rfbD	31.3	75.6	262	O-antigen export system permease protein
243	3727	218979	220151	1173	pir:F70695	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV Rv3778c	36.5	63.0	416	
244	3728	221107	220154	954	gp:AF010309_1	<i>Homo sapiens</i> pig3	41.1	71.5	302	NADPH quinone oxidoreductase homolog: p53 induced
245	3729	221712	221131	582						
246	3730	223685	222210	1476	sp:ALST_BAGSU	<i>Bacillus subtilis</i> alsT	46.7	75.8	475	amino acid carrier
247	3731	224065	223922	144						
248	3732	224336	225244	909						
249	3733	226324	225242	1083	gp:SYPC000EB_1	<i>Synechococcus</i> PCC7942 moaB	43.8	70.1	368	MPT-synthase sulfurylase
250	3734	226767	226312	456	prf:2403296D	<i>Arthrobacter nicotinovorans</i> moaE	44.7	75.3	150	molybdopterin synthase, large subunit
251	3735	227230	226760	471	sp:MOOB_SYNP7	<i>Synechococcus</i> sp. PCC 7942 moaCB	33.5	63.3	158	molybdenum cofactor biosynthesis protein CB
252	3736	227685	227218	468	prf:2403296C	<i>Arthrobacter nicotinovorans</i> moaC	61.7	84.4	154	co-factor synthesis protein
253	3737	228887	227703	1185	gp:ANV10817_2	<i>Arthrobacter nicotinovorans</i> moaA	34.5	58.6	377	molybdopterin co-factor synthesis protein
254	3738	229613	228891	723	prf:2403296F	<i>Arthrobacter nicotinovorans</i> moaB	44.1	70.5	227	transmembrane protein
255	3739	230499	229711	789	prf:2403296E	<i>Arthrobacter nicotinovorans</i> moaA	34.0	68.0	256	molybdate-binding periplasmic protein
256	3740	230608	230928	321	pir:D70816	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV	37.5	70.8	96	molybdopterin converting factor
257	3741	231842	230931	912	prf:2518354A	<i>Thermococcus litoralis</i> malK	34.3	60.8	365	maltose transport protein
258	3742	232267	231848	420	sp:YPT3_STRCO	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) ORF3	36.4	76.9	121	membrane spanning protein
259	3743	233282	232260	1023	sp:HIS8_ZYMMO	<i>Zymomonas mobilis</i> hisC	37.3	65.8	330	histidinol-phosphate aminotransferase

【0237】

【表 13】

第 1-13 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
260	3744	233573	233674	102						
261	3745	233913	234818	906						
262	3746	235203	234910	294						
263	3747	235290	235409	120						
264	3748	235423	235331	93						
265	3749	236212	235451	762	gp:BAU81286.1	<i>Brucella abortus</i> oxyR	29.4	57.1	252	transcription factor
266	3750	236326	237342	1017	sp:ADH2_BAGST	<i>Bacillus stearothermophilus</i> DSM 2334 adh	34.0	66.0	335	alcohol dehydrogenase
267	3751	237345	238145	801	sp:PUO_MICRU	<i>Micrococcus rubens</i> puo	21.5	38.1	451	putrescine oxidase
268	3752	238176	239525	1350	prf:2305239A	<i>Borrelia burgdorferi</i>	30.9	68.5	444	magnesium ion
269	3753	239772	239945	174						
270	3754	239986	241515	1530	prf:2320140A	<i>Xenopus laevis</i>	33.2	59.6	567	Na/dicarboxylate cotransporter
271	3755	241635	241540	96						
272	3756	242902	241883	1020	pir:C70800	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV	46.1	69.1	317	oxidoreductase
273	3757	242910	243431	522	pir:B70800	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV	48.8	73.8	160	
274	3758	243494	243910	417	gp:RHNEXP.1	<i>Bradyrhizobium</i>	45.1	70.1	144	nitrogen fixation
275	3759	244015	244215	201						
276	3760	244466	244816	351						
277	3761	244902	247304	2403	sp:YV34_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV Rv0507, mmpL2	20.7	45.7	997	membrane transport protein
278	3762	247310	248572	1263	sp:TGT_ZYMMO	<i>Zymomonas mobilis</i>	41.3	68.0	400	queuine tRNA-ribosyltransferase
279	3763	249294	248557	738	sp:YDPP_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> ydpP	28.1	62.1	203	integral membrane
280	3764	249428	250507	1080						
281	3765	250503	251939	1437	:pir:S65588	<i>Streptomyces glaucescens</i> strW	24.3	49.6	526	ABC-transporter
282	3766	251952	252830	879	sp:SYE_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> gltX	34.8	63.3	316	glutaryl tRNA
283	3767	253819	252830	990						

【0238】

【表 14】

第 1-14 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
284	3768	253932	254078	147						
285	3769	255438	254329	1110	gp:PSESTBC8AD	Pseudomonas syringae	34.2	55.0	360	transposase
286	3770	255794	255492	303						
287	3771	256067	256204	138						
288	3772	256599	257894	1296	esp:W69554	Brevibacterium lactofermentum aspC	98.6	100.0	432	aspartate transaminase
289	3773	257900	258529	630						
290	3774	258551	260875	2325	gp:AF025391_1	Thermus thermophilus dnaX	31.6	53.1	642	DNA polymerase III holoenzyme tau subunit
291	3775	260987	261295	309	sp:YAAK_BAGSU	Bacillus subtilis yaak	41.6	74.3	101	
292	3776	261402	262055	654	sp:RECR_BAGSU	Bacillus subtilis recr	42.5	72.4	214	recombination protein
293	3777	263295	262546	750	prf:25034628	Helicobacterium mobilis cobQ	38.3	61.7	248	cobyrlic acid synthase
294	3778	264566	263298	1269	prf:2503462C	Helicobacterium mobilis murC	31.3	60.6	444	UDP-N-acetylmutamyl tripeptide synthetase
295	3779	265678	264599	1080	pir:H70794	Mycobacterium tuberculosis H37RV	25.7	55.2	346	DNA polymerase III epsilon chain
296	3780	266098	265988	111						
297	3781	268001	266154	1848	sp:LEU1_CORGL	Corynebacterium glutamicum leuA	100.0	100.0	616	2-isopropylmalate synthase
298	3782	269124	268258	867	gp:SCF55_33	Streptomyces coelicolor A3(2)	32.7	67.6	281	integral membrane protein
299	3783	269371	270633	1263	sp:AKAB_CORGL	Corynebacterium glutamicum lysC-alpha	99.5	99.8	421	aspartate kinase alpha chain
300	3784	270660	271691	1032	sp:DHAS_CORGL	Corynebacterium glutamicum asd	100.0	100.0	344	aspartate-semialdehyde dehydrogenase
301	3785	271761	273194	1434						
302	3786	274120	273542	579	prf:2312309A	Mycobacterium smegmatis sigE	31.2	63.5	189	extracytoplasmic function alternative
303	3787	274366	275871	1506	sp:CATV_BAGSU	Bacillus subtilis katA	52.9	76.4	492	vegetative catalase
304	3788	275891	276232	342						
305	3789	276247	275957	291						
306	3790	276763	276302	462	sp:LRP_KLEPN	Klebsiella pneumoniae lrp	37.1	72.0	143	leucine-responsive regulatory protein

【0239】

【表 15】

第 1-15 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
307	3791	276829	277581	753	sp:AZLC_BACSU	Bacillus subtilis 1A1 azIC	30.5	68.0	203	branched-chain amino acid transport
308	3792	277581	277904	324						
309	3793	278364	278474	111						
310	3794	278301	277987	315						
311	3795	278732	278388	345	gp:AF178758_1	Sinorhizobium sp. As4 arsR	34.4	68.9	90	metalloregulatory protein
312	3796	278814	279893	1080	gp:AF178758_2	Sinorhizobium sp. As4 arsB	52.2	84.2	341	arsenic oxyanion- translocation pump
313	3797	279893	280279	387	sp:ARSC_STAXY	Staphylococcus xyloso arsC	31.1	68.9	119	arsenate reductase
314	3798	280666	280349	318						
315	3799	280939	280670	270						
316	3800	281401	280949	453						
317	3801	282933	281404	1530	gp:AF097740_4	Bacillus firmus mrpD	32.4	70.4	503	multiple resistance and pH regulation related protein D
318	3802	283317	282937	381	prf:2504285D	Staphylococcus aureus mmhC	37.0	70.6	119	Na/H antiporter
319	3803	286202	283317	2886	gp:AF097740_1	Bacillus firmus mrpA	34.1	64.3	824	multiple resistance and pH regulation related protein A
320	3804	286373	287857	1485						
321	3805	288829	287966	864						
322	3806	288960	289064	105						
323	3807	289796	289131	666	sp:GZOR_ALCEU	Alcaligenes eutrophus CH34 ozeR	38.6	70.4	223	transcriptional activator protein
324	3808	291243	289777	1467	prf:2214304B	Mycobacterium tuberculosis mtrB	26.7	56.8	521	a sensor type molecule involved in the process of signal transduction
325	3809	291344	291442	99						
326	3810	291833	291273	561						
327	3811	291815	292417	603	sp:APL_LAGLA	Lactococcus lactis MG1363 apI	28.3	60.0	180	alkaline phosphatase- like protein

【0240】



【表 16】

第 1-16 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7nt/8nt)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
328	3812	293511	292597	915	pir:B69865	Bacillus subtilis	26.1	54.7	307	phosphoesterase
329	3813	293539	293991	453	sp:YOEY_BACSU	Bacillus subtilis yoeY	37.6	71.8	149	
330	3814	296388	294004	2385	prf:2209359A	Mycobacterium leprae pon1	48.3	77.1	782	class A penicillin- binding protein (PBPI)
331	3815	297064	297402	339	pir:S20912	Streptomyces coelicolor A3(2) whiB	40.9	63.4	71	regulatory protein
332	3816	297431	297622	192						
333	3817	297631	297783	153	gp:SCH17_10	Streptomyces coelicolor A3(2)	84.0	96.0	50	
334	3818	297792	298250	459	pir:G70790	Mycobacterium tuberculosis H37RV	65.1	89.9	149	transcription regulator
335	3819	299684	298332	1353	sp:SHIA_ECOLI	Escherichia coli K12 Rv3678c	37.3	68.9	440	shikimate transport
336	3820	301261	299726	1536	sp:LCFA_BACSU	Bacillus subtilis lcfA	31.1	59.9	534	long-chain-fatty-acid- CoA ligase
337	3821	301418	301314	105						
338	3822	302036	301512	525	gp:SGJ4_28	Streptomyces coelicolor A3(2)	33.9	65.4	127	transcriptional regulator
339	3823	302167	303099	933	sp:FABG_BACSU	Bacillus subtilis fabG	41.0	72.5	251	3-oxoacyl-[acyl- carrier-protein]
340	3824	303133	304074	942	sp:FLUG_EHANI	Emericella nidulans	27.2	52.0	254	glutamine synthetase
341	3825	304070	305263	1194	prf:2512386A	Arabidopsis thaliana atg6	38.8	66.5	394	Short-chain acyl CoA oxidase
342	3826	305288	305758	471	sp:NODN_RHILV	Rhizobium Leguminosarum nodN	45.8	72.6	153	nodulation protein
343	3827	306367	305195	1173						
344	3828	305858	306700	843	pir:F70790	Mycobacterium tuberculosis H37RV	41.2	72.4	272	hydrolase
345	3829	307462	306782	681	prf:2323349A	Vibrio cholerae crp	30.9	65.7	207	cAMP receptor protein
346	3830	306800	307504	705						
347	3831	307598	307699	102						
348	3832	307918	307727	192						

【0241】

【表 17】

第 1-17 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
349	3833	307955	308734	780	sp:UVEN_MICLU	Micrococcus luteus pdg	57.5	77.1	240	ultraviolet N-glycosylase/AP lyase
350	3834	308745	309302	558	pir:B70790	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3673c	34.6	58.3	211	cytochrome c biogenesis protein
351	3835	309370	310038	669	sp:YEAB_ECOLI	Escherichia coli K12	30.7	56.3	192	
352	3836	310135	311325	1191	pir:H70789	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3671c	38.6	71.0	396	serine proteinase
353	3837	311830	311699	132						
354	3838	312891	311899	993	prf:2411250A	Corynebacterium sp. C12 cEH	29.6	52.1	280	epoxide hydrolase
355	3839	313457	312909	549	pir:F70789	Mycobacterium tuberculosis H37RV	46.8	77.6	156	
356	3840	313570	313671	102						
357	3841	314590	313625	966	pir:S72914	Mycobacterium leprae MTCY2069.32C, serB	29.6	65.5	287	phosphoserine phosphatase
358	3842	314542	314637	96						
359	3843	314980	316002	1023	pir:E70788	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3660c	35.0	60.2	349	
360	3844	316110	317132	1023	pir:C44020	Escherichia coli trbB	32.9	66.5	319	conjugal transfer region protein
361	3845	317078	317893	816	pir:C70788	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3658c	30.5	63.7	262	transmembrane protein
362	3846	317920	318465	546	pir:B70788	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3657c	33.8	64.2	201	
363	3847	318492	318689	198	pir:A70788	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3656c	47.5	84.8	59	
364	3848	318958	318545	414						
365	3849	318696	319013	318						

【0242】

【表 18】

第 1-18 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
366	3850	318991	319335	345						
367	3851	321690	319336	2355	sp:YPRA_BACSU	Bacillus subtilis yprA	33.8	66.1	764	ATP-dependent RNA
368	3852	322007	322207	201	sp:CSP_ARTG0	Arthrobacter globiformis SI55 csp	68.7	88.1	67	cold shock protein
369	3853	322216	321992	225						
370	3854	322274	322411	138						
371	3855	322910	325897	2988	pir:G70563	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3646c_topA	61.7	81.6	977	DNA topoisomerase I
372	3856	325904	326614	711						
373	3857	327735	326695	1041	sp:CYAB_STIAU	Stigmatella aurantiaca B17R20 cyab	32.7	62.4	263	adenylate cyclase 2
374	3858	328283	329539	1257	sp:DP3X_BACSU	Bacillus subtilis dnaX	25.3	52.7	423	DNA polymerase III subunit tau/gamma
375	3859	329752	328868	117						
376	3860	329748	329909	162						
377	3861	329933	330376	444	gp:AE002103_3	Ureaplasma urealyticum uu033	32.6	59.0	144	
378	3862	330474	330379	96						
379	3863	330894	330986	93						
380	3864	330973	331533	561	gp:AE001882_8	Deinococcus radiodurans DR0202	39.0	63.4	172	
381	3865	331553	331260	294						
382	3866	331552	332433	882	sp:RLUC_EC0LI	Escherichia coli K12 rluc	43.6	65.0	314	ribosomal large subunit pseudouridine synthase
383	3867	332919	334562	1644	sp:BGLX_ERWCH	Erwinia chrysanthemi D1 bgxA	34.8	60.2	558	beta- glucosidase/xylosidase
384	3868	332965	334953	1989	gp:AF090429_2	Azospirillum irakense sa18	38.6	61.4	101	beta-glucosidase
385	3869	335009	336112	1104	sp:FADH_AMYME	Amycolatopsis methanolica	66.6	86.5	362	NAD/mycothiol-dependent formaldehyde
386	3870	336212	336748	537	sp:YTH5_RHOSN	Rhodococcus erythropolis orf5	32.5	47.5	160	

【0243】

【表 19】

第 1-19 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
387	3871	336781	337449	669	sp:FABG_ECOLI	Escherichia coli K12 fabG	25.9	55.8	251	3-oxoacyl-(acyl carrier protein) reductase
388	3872	337539	338768	1230	gpc:AF148322_1	Streptomyces viridifaciens vimF	26.3	56.4	415	valinomycin resistant protein
389	3873	338793	339725	933	prf:2512357B	Actinoplanes sp. acbB	33.8	66.3	320	dTDP-glucose 4,6-dehydratase
390	3874	339759	339896	138						
391	3875	340569	340195	375	pir:A70562	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	59.3	88.9	108	
392	3876	341327	340569	759	sp:YC22_METJA	Methanococcus jannaschii JAL-1	33.9	66.5	230	dolichol-P-glucose synthetase isolog
393	3877	341347	342375	1029						
394	3878	342417	343451	1035	sp:YEFJ_ECOLI	Escherichia coli K12 yefJ	25.8	57.3	260	nucleotide sugar synthetase
395	3879	343609	343520	90						
396	3880	343636	345717	2082	sp:USHA_SALTY	Salmonella typhimurium ushA	26.1	54.4	586	UDP-sugar hydrolase
397	3881	345075	345814	162						
398	3882	346460	346110	351						
399	3883	348019	346961	1059	sp:ADH_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv adhC	52.2	74.9	343	NADP-dependent alcohol dehydrogenase
400	3884	348952	348098	855	sp:RFBA_SALAN	Salmonella anatum M32 rfbA	62.8	84.9	285	glucose-1-phosphate thymidyltransferase
401	3885	350310	348952	1359	gp:D78182_5	Streptococcus mutans rmlC	49.5	74.0	192	dTDP-4-keto-L-rhamnose reductase
402	3886	351443	350313	1131	sp:RMLB_STRMU	Streptococcus mutans XC rmlB	61.8	83.4	343	dTDP-glucose-4,6-dehydratase
403	3887	351948	351370	579	sp:NOX_THETH	Thermus aquaticus HB8	35.4	61.2	206	NADH dehydrogenase
404	3888	352693	353637	945	prf:2510361A	Staphylococcus aureus sirA	33.2	66.5	325	Fe-regulated protein
405	3889	354387	353749	639						
406	3890	355906	354599	1308	sp:Y17M_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	37.4	68.3	423	membrane protein

【0244】

【表 20】

第 1-20 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
407	3891	357228	355849	1380	gp:SCSF2A_19	Streptomyces coelicolor cosmid 5F2A	34.1	62.5	461	metallopeptidase
408	3892	359354	357237	2118	prf:2502226A	Sphingomonas capsulata	28.4	56.4	708	Pro endopeptidase
409	3893	360334	359762	573						
410	3894	360432	360617	186						
411	3895	361905	360814	1092	gp:SCF43_7	Streptomyces coelicolor cosmid F43	25.7	57.6	382	integral membrane protein
412	3896	363151	362057	1095	esp:W56155	Corynebacterium ammoniaegenes ATCC6872	50.7	76.6	363	cell surface layer protein
413	3897	363824	365257	1434	prf:24043468	Acinetobacter johnsonii ptk	28.5	57.2	453	autophosphorylating protein Tyr kinase
414	3898	365250	365852	603	prf:2404346A	Acinetobacter johnsonii ptp	39.2	68.6	102	protein phosphatase
415	3899	365855	366838	984						
416	3900	366832	368643	1812	sp:CAPD_STAAU	Staphylococcus aureus M capD	33.0	65.7	613	integral membrane protein
417	3901	368647	369801	1155	prf:2423410L	Campylobacter jejuni wlaK	37.1	68.3	394	lipopolysaccharide biosynthesis
418	3902	369794	370405	612	gp:AF014804_1	Neisseria meningitidis pg18	54.6	75.0	196	pilin glycosylation protein
419	3903	370613	371773	1161	sp:CAPM_STAAU	Staphylococcus aureus M capM	33.4	69.2	380	capsular polysaccharide biosynthesis
420	3904	371929	373419	1491	pir:S67859	Xanthomonas campestris gumJ	34.3	69.8	504	export protein
421	3905	373500	374813	1314	sp:MURA_ENTCL	Enterobacter cloacae mura	31.4	64.6	427	UDP-N-acetylglucosamine 1-
422	3906	374833	375837	1005	sp:MURB_BACSU	Bacillus subtilis murB	34.8	68.5	273	UDP-N- acetyl enolpyruvoylgluco samine reductase
423	3907	375842	376876	1035	gp:VCLPSS_9	Vibrio cholerae	32.0	57.3	356	sugar transferase
424	3908	377683	377832	150	prf:2211295A	Corynebacterium glutamicum	60.4	79.3	53	transposase
425	3909	378093	378227	135						
426	3910	378185	378511	327						

【0245】

【表 2 1】

第 1-21 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
427	3911	378562	378287	276						
428	3912	378593	378504	90						
429	3913	379837	378668	1170	pir:G70539	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1565c	28.0	57.4	404	membrane protein
430	3914	380842	379850	993	esp:W37452	Pseudomonas aeruginosa PA01 psbC	34.5	60.2	354	acetyltransferase
431	3915	381626	381531	96						
432	3916	381948	383108	1161	sp:UD68_EC011	Escherichia coli ugd	63.7	89.7	388	UDP-glucose 6- dehydrogenase
433	3917	383768	383496	273						
434	3918	385190	383982	1209						
435	3919	386195	385374	822	gp:AF172324_3	Escherichia coli wbnA	32.1	65.0	243	glycosyl transferase
436	3920	386543	386454	90						
437	3921	386556	387200	645	gp:AB008676_13	Escherichia coli 0157 wbH	33.0	62.0	221	acetyltransferase
438	3922	387657	387463	195						
439	3923	387692	389098	1407	gp:CGLPD_1	Corynebacterium glutamicum lpd	99.6	100.0	469	dihydroliopamide dehydrogenase
440	3924	389248	390168	921	pir:JC4985	Xanthomonas campestris	41.7	68.1	295	UTP-glucose-1- phosphate
441	3925	390233	390730	498	gp:PAU48666_2	Pseudomonas aeruginosa PA01 orfX	43.8	71.9	153	regulatory protein
442	3926	392208	390787	1422	pir:E70828	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0465c	57.0	81.3	477	transcription regulator
443	3927	392331	392236	96						
444	3928	392357	392241	117						
445	3929	392705	393475	771	gp:SCM10_12	Streptomyces coelicolor cosmid M10	34.8	67.4	230	cytochrome B subunit
446	3930	393639	395513	1875	pir:A27763	Bacillus subtilis sdhA	32.4	61.2	608	succinate dehydrogenase flavoprotein
447	3931	395426	396262	837	gp:BMSDHCAB_4	Paenibacillus macerans sdhB	27.5	56.2	258	succinate dehydrogenase subunit B

【0 2 4 6】

【表 2 2】

第 1-22 表

配列番号 (填番)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
448	3932	396315	396650	336						
449	3933	396672	396932	261						
450	3934	397040	396411	630						
451	3935	397730	397825	96						
452	3936	398206	397232	975	gp:SC078_5	Streptomyces coelicolor cosmid C78	26.3	49.8	259	
453	3937	398329	399579	1251	sp:YJIN_EC01	Escherichia coli K12	32.7	64.3	431	integral membrane
454	3938	399598	400017	420						
455	3939	400039	400341	303						
456	3940	400473	401150	678	sp:TCMR_STRGA	Streptomyces glaucescens GLA.0 tcmR	26.4	53.8	197	tetracycline C transcription repressor
457	3941	401050	401253	204						
458	3942	401150	402796	1647	gp:AF164961_8	Streptomyces fradiae T#2117 urdJ	36.1	74.6	499	transporter
459	3943	402799	404430	1632	gp:AF164961_8	Streptomyces fradiae T#2117 urdJ	39.6	74.6	508	transporter
460	3944	405419	404508	912	sp:PURO_CORSP	Corynebacterium sp. P- 1 purU	40.9	72.7	286	formyltetrahydrofolate deformylase
461	3945	405480	406145	666	sp:DEOC_BACSU	Bacillus subtilis deoC	38.5	74.0	208	deoxyribose-phosphate aldolase
462	3946	406310	406161	150						
463	3947	406417	405521	897						
464	3948	406475	406317	159						
465	3949	406550	407416	867	prf:2413441K	Mycobacterium avium GIR10 mav346	26.8	53.6	280	
466	3950	407708	407409	300	pir:A70907	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	58.7	85.9	92	
467	3951	409975	407711	2265	sp:CTPB_MYCLE	Mycobacterium leprae ctp8	45.7	75.3	748	cation-transporting P- type ATPase B
468	3952	410476	410027	450						
469	3953	410683	412545	1863	sp:AMVH_YEAST	Saccharomyces cerevisiae Y19019G	27.3	56.1	626	glucan 1,4-alpha- glucosidase
470	3954	412557	413633	1077	gp:AF109162_1	Corynebacterium diphtheriae hmuJ	57.2	83.6	348	hemin-binding periplasmic protein

【0 2 4 7】

【表 23】

第 1-23 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
471	3955	413643	414710	1068	gp:AF109162_2	Corynebacterium diphtheriae hm11	65.2	90.3	330	ABC-type transporter permease
472	3956	414714	415526	813	gp:AF109162_3	Corynebacterium diphtheriae hm11	63.8	85.0	254	ATP-binding protein
473	3957	415643	416599	957	gp:SCG75A_17	Streptomyces coelicolor C75A	28.6	56.4	266	membrane protein
474	3958	416603	417439	837	gp:SCG75A_17	Streptomyces coelicolor C75A	32.6	61.6	258	membrane protein
475	3959	418354	417545	810						
476	3960	419253	418441	813						
477	3961	419757	419257	501						
478	3962	419785	420885	1101	gp:ECONURBA_1	Escherichia coli HDD012 murB	30.1	58.4	356	UDP-N- acetylpyruvoylgucosami ne reductase
479	3963	420866	421516	651						
480	3964	421842	421729	114						
481	3965	421858	422031	174						
482	3966	423793	422090	1704	sp:LCFA_BAGSU	Bacillus subtilis lcfa	35.5	68.1	558	long-chain fatty acid--
483	3967	423878	425131	1254	gp:SCG5_6	Streptomyces coelicolor cosmid 265	33.9	58.7	416	transferase
484	3968	425177	425920	744	sp:PMGY_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) gpm	70.7	84.2	246	phosphoglycerate mutase
485	3969	425934	427172	1239	prf:2404434A	Mycobacterium bovis senX3	49.2	74.8	417	sensor-like histidine kinase
486	3970	427172	427867	696	prf:2404434B	Mycobacterium bovis BCG regX3	75.8	90.9	231	sensory transduction protein
487	3971	428561	429439	879						
488	3972	432023	429438	2586	gpu:SCG25_30	Streptomyces coelicolor A3(2)	31.3	60.7	921	ABC transporter ATP- binding protein
489	3973	433028	432126	903	sp:YV21_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	45.0	66.9	269	cytochrome P450
490	3974	433062	433988	927	prf:2512277A	Pseudomonas aeruginosa ppx	28.8	57.8	306	exopolyphosphatase

【0248】



【表 24】

第 1-24 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
491	3975	434010	434822	813	sp:YV23_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	28.8	57.3	302	integral membrane protein
492	3976	434986	433865	1122	gp:D88733_1	Equine herpesvirus 1 ORF71	25.4	52.0	394	membrane glycoprotein
493	3977	434886	435695	810	sp:PROC_CORGL	Corynebacterium glutamicum proC	100.0	100.0	269	pyrroline-5-carboxylate reductase
494	3978	435940	436137	198	pir:S72921	Mycobacterium leprae cosmid B2168	76.4	94.6	55	
495	3979	436321	436103	219						
496	3980	436310	436444	135						
497	3981	436463	436561	99	gp:SC68_25	Streptomyces coelicolor cosmid E68	89.7	100.0	29	
498	3982	436573	436764	192						
499	3983	438044	436980	1065	pir:S72914	Mycobacterium tuberculosis H37RV	51.0	77.4	296	phosphoserine phosphatase
500	3984	438019	438171	153						
501	3985	438294	438037	258						
502	3986	438179	438424	246	sp:YV35_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	40.5	66.2	74	
503	3987	438516	439904	1389	sp:HEM1_MYCLE	Mycobacterium leprae	44.4	74.3	455	glutaryl-tRNA reductase
504	3988	439909	440814	906	pir:S72887	Mycobacterium leprae hem3b	50.7	75.3	308	hydroxymethylbi lane synthase
505	3989	441220	441591	372						
506	3990	442482	441601	882	sp:CATM_ACICA	Acinetobacter calcoaceticus catM	27.1	57.6	321	cat operon transcriptional
507	3991	442758	444158	1401	sp:SHIA_ECOLI	Escherichia coli K-12 shIA	35.5	72.2	417	shikimate transporter
508	3992	444185	446038	1854	sp:3SHD_NEUCR	Neurospora crassa qa4	28.2	57.9	309	3-dehydroshikimate dehydratase
509	3993	446075	446521	447	gp:AF124518_1	Corynebacterium glutamicum aroD	100.0	100.0	149	3-dehydroquinase
510	3994	446538	447386	849	gp:AF124518_2	Corynebacterium glutamicum aroE	98.2	98.6	282	shikimate dehydrogenase
511	3995	447670	447398	273						

【0249】

【表 25】

第 1-25 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
512	3996	449179	448130	1050	sp:POTG_EC01	Escherichia coli K12 potG	34.7	68.6	363	putrescine transport protein
513	3997	450826	449183	1644	sp:SFUB_SERMA	Serratia marcescens sfuB	25.1	55.2	578	iron(III)-transport system permease protein
514	3998	451895	450837	1059	sp:SHU75349_1	Brachyspira hyodysenteriae bitA	25.1	59.9	347	periplasmic-iron- binding protein
515	3999	450849	451961	1113						
516	4000	452661	454430	1770	pir:S72909	Mycobacterium leprae cosmid B2168 cysG	46.5	71.6	486	uroporphyrin-III C- methyltransferase
517	4001	454450	454875	426						
518	4002	454967	455983	1017	sp:HEM2_STRGO	Streptomyces coelicolor A3(2) hemB	60.8	83.1	337	delta-aminolevulinic acid dehydratase
519	4003	456016	456597	582						
520	4004	456641	457150	510						
521	4005	457357	459900	2544	sp:CTPB_MYCLE	Mycobacterium leprae ctpB	27.4	56.5	858	cation-transporting P- type ATPase B
522	4006	460020	461093	1074	sp:DCUP_STRGO	Streptomyces coelicolor A3(2) hemE	55.0	76.7	364	uroporphyrinogen decarboxylase
523	4007	461112	462455	1344	sp:PPOX_BACSU	Bacillus subtilis hemY	28.0	59.9	464	protoporphyrinogen IX oxidase
524	4008	462557	463867	1311	sp:GSA_MYCLE	Mycobacterium leprae hemL	61.7	83.5	425	glutamate-1- semialdehyde 2,1- phosphoglycerate mutase
525	4009	463867	464472	606	sp:PMG2_EC01	Escherichia coli K12	28.0	62.7	161	
526	4010	464482	465102	621	pir:A70545	Mycobacterium tuberculosis H37RV	44.7	71.2	208	
527	4011	465118	465909	792	pir:B70545	Mycobacterium tuberculosis H37RV	53.5	85.3	245	cytochrome c-type biogenesis protein
528	4012	465949	467571	1623	pir:C70545	Mycobacterium tuberculosis H37RV	50.7	76.0	533	
529	4013	467648	468658	1011	pir:D70545	Mycobacterium tuberculosis H37RV	44.1	77.8	338	cytochrome c biogenesis protein
530	4014	469370	470170	801						

【0250】

【表 26】

第 1-26 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
531	4015	470184	470654	471	pir:G70790	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3678c, pb5	38.9	69.4	144	transcription regulator
532	4016	471013	470657	357	prf:2420312A	Staphylococcus aureus czrA	31.1	72.2	90	Zn/Cu transport repressor
533	4017	471420	471121	300						
534	4018	471515	471847	333	pir:F70545	Mycobacterium tuberculosis H37RV	39.0	78.1	82	
535	4019	472808	471915	894	p:MEN4_ECOL1	Escherichia coli K12 menA	33.6	61.5	301	1,4-dihydroxy-2- naphthoate
536	4020	472948	473811	864	sp:AF125164.6	Bacteroides fragilis	32.4	62.6	238	glycosyltransferase
537	4021	475136	473814	1323	prf:24232708	Rhizobium trifolii	25.4	51.5	421	malonyl-CoA-
538	4022	475407	474997	411	sp:YQJF_ECOL1	Escherichia coli K-12 yqjF	35.3	65.5	139	
539	4023	477048	475489	1560	pir:S27612	Pseudomonas putida	50.4	76.0	520	ketoglutarate semialdehyde
540	4024	477995	477048	948	sp:K060_PSEPU	Pseudomonas putida K060H	48.5	75.6	303	5-dehydro-4- deoxyglucuronate
541	4025	478970	478092	879	sp:ALSR_BACSU	Bacillus subtilis alsR	36.9	66.2	293	als operon regulatory protein
542	4026	479303	478989	315	pir:870547	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0543c	33.0	64.9	94	
543	4027	480201	479452	750	gpu:SSP277295_9	Sphingomonas sp. LB126 fldB	28.1	54.7	267	2-pyrone-4,6- dicarboxylic acid
544	4028	480154	480597	444						
545	4029	480624	480208	417						
546	4030	481001	480624	378						
547	4031	481391	481131	261						
548	4032	482668	481394	1275	pir:D70547	Mycobacterium tuberculosis H37RV	60.0	83.2	410	LOW-AFFINITY INORGANIC phosphate transporters
549	4033	483073	482942	132						
550	4034	483587	483366	222						
551	4035	485062	484106	957	sp:MEN8_BACSU	Bacillus subtilis menB	48.5	70.3	293	naphthoate synthase

【0251】

【表 27】

第 1-27 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/塩)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
552	4036	485385	485077	309	pir:C70304	Aquifex aeolicus VF5 pnhB	37.7	68.8	77	pterin-4a-carbinolamine dehydratase
553	4037	485384	485986	603	sp:AE001957_12	Beinococcus radiodurans DR1070	57.9	82.7	202	peptidase E
554	4038	486001	487014	1014	pir:D70548	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0553_menC	54.0	76.7	335	muconate cycloisomerase
555	4039	487028	488656	1629	sp:MEND_BACSU	Bacillus subtilis menD	29.4	54.0	606	2-oxoglutarate decarboxylase and 2- succinyl-6-hydroxy-2,4- cyclohexadiene-1- carboxylate synthase
556	4040	488660	489100	441	pir:G70548	Mycobacterium tuberculosis H37Rv pimB	37.2	64.9	148	membrane protein
557	4041	489209	490447	1239	pir:H70548	Mycobacterium tuberculosis H37Rv pimB	22.8	54.2	408	alpha-D-mannose- alpha(1-6)phosphatidyl myo-inositol monomannoside
558	4042	490580	491938	1359	sp:CYCA_EC011	Escherichia coli K12 cycA	66.2	89.9	447	D-serine/D- alanine:glycine ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase
559	4043	491966	492655	690	sp:UB1E_EC011	Escherichia coli K12 ubiE	37.1	66.7	237	oxidoreductase
560	4044	493916	492645	1272	pir:D70549	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0561c	49.0	76.7	412	
561	4045	494085	493984	102						
562	4046	494061	495110	1050	sp:HEP2_BACST	Bacillus stearothermophilus ATCC 10149 hepT	39.2	67.1	316	heptaprenyl diphosphate synthase component II
563	4047	495420	495256	165						
564	4048	495769	495629	141						
565	4049	496611	496522	90						

【0252】

【表 28】

第 1-28 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
566	4050	496810	497142	333	gpu:AF130462_2	Corynebacterium glutamicum secE	99.1	100.0	111	preprotein translocase SecE subunit
567	4051	497374	498327	954	gpu:AF130462_3	Corynebacterium glutamicum nusG	100.0	100.0	318	transcriptional antiterminator protein
568	4052	498598	499032	435	gpu:AF130462_4	Corynebacterium glutamicum rplK	100.0	100.0	145	50S ribosomal protein L11
569	4053	499162	499869	708	gpu:AF130462_5	Corynebacterium glutamicum rplA	100.0	100.0	236	50S ribosomal protein L1
570	4054	501436	499925	1512	gpu:SC5H4_2	Streptomyces coelicolor cosmid 5H4	23.1	50.2	564	regulatory protein
571	4055	501577	502920	1344	sp:GABT_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV2589_gabT	60.5	82.4	443	4-aminobutyrate aminotransferase
572	4056	502925	504283	1359	sp:GABD_ECOLI	Escherichia coli K12 gabD	40.8	71.8	461	succinate-semialdehyde dehydrogenase [NADP+]
573	4057	504379	505569	1191	sp:TYRP_ECOLI	Escherichia coli K12 o341#7_tyrP	25.5	49.9	447	tyrosine-specific transport protein
574	4058	505698	507647	1950	sp:CTPG_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV1992C_ctpG	33.2	64.4	615	cation-transporting ATPase G
575	4059	507669	509081	1413	sp:P49_STRLI	Streptomyces lividans	40.2	66.2	468	secreted protein
576	4060	509094	509696	603						
577	4061	509998	510510	513	sp:RL10_STRGR	Streptomyces griseus N2-3-11 rplJ	52.9	84.7	170	50S ribosomal protein L10
578	4062	510591	510974	384	sp:RL7_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV0652_rplL	72.3	89.2	130	50S ribosomal protein L7/L12
579	4063	511126	510989	138						
580	4064	511536	512507	972	pir:A70962	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV0227c	25.8	55.5	283	membrane protein
581	4065	512913	516407	3495	sp:RP08_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV0667_rpoB	75.4	90.4	1180	DNA-directed RNA polymerase beta chain

【0253】

【表 29】

第 1-29 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
582	4066	516494	520492	3999	sp:RPOC_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV0668, rpoC	72.9	88.7	1332	DNA-directed RNA polymerase beta' chain
583	4067	520671	520850	180						
584	4068	520865	521644	780	gp:SCJ9A_15	Streptomyces coelicolor cosmid J9A	39.2	63.8	232	DNA-binding protein
585	4069	522476	521679	798	sp:YT08_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV2908C	29.3	57.7	215	
586	4070	522694	523059	366	sp:RS12_MYCIT	Mycobacterium intracellulare rpsL	90.9	97.5	121	30S ribosomal protein S12
587	4071	523069	523533	465	sp:RS7_MYCSM	Mycobacterium smegmatis LR222 rpsG	81.8	94.8	154	30S ribosomal protein S7
588	4072	523896	526010	2115	sp:EF6_MICLU	Micrococcus luteus	71.7	88.9	709	elongation factor G
589	4073	526070	523911	2160						
590	4074	526156	526013	144						
591	4075	526376	527563	1188	sp:EFTU_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13059	99.8	100.0	396	elongation factor Tu
592	4076	527759	527607	153						
593	4077	528040	528768	729						
594	4078	529570	528779	792	sp:FEPG_ECOLI	Escherichia coli K12 fepG	56.2	83.7	258	ferric enterobactin transport ATP-binding protein
595	4079	530626	529592	1035	sp:FEPG_ECOLI	Escherichia coli K12 fepG	45.6	77.8	329	ferric enterobactin transport protein
596	4080	531782	530748	1035	sp:FEPD_ECOLI	Escherichia coli K12 fepD	48.1	80.6	335	ferric enterobactin transport protein
597	4081	531998	532099	102						
598	4082	532092	531952	141						
599	4083	532008	532523	516	gp:CTACTAGEN_1	Thermoanaerobacterium thermosaccharolyticum actA	56.6	79.3	145	Butyryl-CoA:Acetate Coenzyme A transferase
600	4084	533099	533401	303	sp:RS10_PLARO	Planobispora rosea ATCC 53733 rpsJ	84.2	99.0	101	30S ribosomal protein S10

【0254】

【表 30】

第 1-30 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
601	4085	533437	534090	654	sp:RL3_MYC80	Mycobacterium bovis BCG rplC	66.5	89.6	212	50S ribosomal protein L3
602	4086	534087	534401	687						
603	4087	534090	534743	654	sp:RL4_MYC80	Mycobacterium bovis BCG rplD	71.2	90.1	212	50S ribosomal protein L4
604	4088	534746	535048	303	sp:RL23_MYC80	Mycobacterium bovis BCG rplW	74.0	90.6	96	50S ribosomal protein L23
605	4089	535072	534746	327						
606	4090	535076	535915	840	sp:RL2_MYCLE	Mycobacterium bovis BCG rplB	80.7	92.9	280	50S ribosomal protein L2
607	4091	535935	536210	276	sp:RS19_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	87.0	98.9	92	30S ribosomal protein S19
608	4092	536183	535899	285		Rv0705_rpsS				
609	4093	536217	536576	360	sp:RL22_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	74.3	91.7	109	50S ribosomal protein L22
610	4094	536579	537322	744	sp:RS3_MYC80	Mycobacterium bovis BCG rpsC	77.4	91.2	239	30S ribosomal protein S3
611	4095	537328	537741	414	sp:RL16_MYC80	Mycobacterium bovis BCG rplP	69.3	88.3	137	50S ribosomal protein L16
612	4096	537744	537971	228	sp:RL29_MYC80	Mycobacterium bovis BCG rplM	65.7	88.1	67	50S ribosomal protein L29
613	4097	537977	538252	276	sp:RS17_MYC80	Mycobacterium bovis BCG rpsQ	69.5	89.0	82	30S ribosomal protein s17
614	4098	538267	537974	294						
615	4099	538698	538381	318						
616	4100	539413	538718	696						
617	4101	539741	540106	366	sp:RL14_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	83.6	95.1	122	50S ribosomal protein L14
618	4102	540112	540423	312	sp:RL24_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	76.2	91.4	105	50S ribosomal protein L24

【0255】

【表 3 1】

第 1-31 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
619	4103	540426	540998	573	sp:RL5_MIGLU	Micrococcus luteus	73.6	92.3	183	50S ribosomal protein L5
620	4104	541048	542079	1032						
621	4105	542896	542090	807	sp:2DKG_CORSP	Corynebacterium sp	52.3	74.2	260	2,5-diketo-D-gluconate acid reductase
622	4106	543412	542921	492						
623	4107	544329	543415	915	sp:FDHD_W0LSU	Molinitella succinogenes fdhD	28.9	59.7	298	formate dehydrogenase
624	4108	544670	544335	336	gp:SCGD3_29	Streptomyces coelicolor A3(2) SCGD3_29c	37.2	68.1	94	molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein
625	4109	546889	544757	2133	sp:FDHF_EC0LI	Escherichia coli fdhF	24.3	53.4	756	formate dehydrogenase H
626	4110	547329	548084	756						
627	4111	548990	548187	804						
628	4112	550651	548990	1662	sp:YC81_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1281c_oppD	26.9	52.6	624	ABC transporter ATP-binding protein
629	4113	551844	550699	1146						
630	4114	552927	551854	1074						
631	4115	554129	552948	1182	pir:E69424	Archaeoglobus fulgidus AF1398	24.7	50.4		
632	4116	554919	554452	468	gp:AE001931_13	Deinococcus radiodurans DR0763	42.7	66.7	150	
633	4117	555331	555726	396	pir:S29885	Micrococcus luteus	75.8	97.7	132	30S ribosomal protein
634	4118	555749	556282	534	pir:S29886	Micrococcus luteus	59.2	87.7	179	50S ribosomal protein
635	4119	556289	556690	402	sp:RL18_MIGLU	Micrococcus luteus	67.3	90.9	110	50S ribosomal protein
636	4120	556734	557366	633	sp:RSS_MIGLU	Micrococcus luteus	67.8	88.3	171	30S ribosomal protein
637	4121	557373	557555	183	sp:RL30_EC0LI	Escherichia coli K12	54.6	76.4	55	50S ribosomal protein
638	4122	557588	556860	729						
639	4123	557565	558008	444	sp:RL15_MIGLU	Micrococcus luteus	66.4	87.4	143	50S ribosomal protein
640	4124	558517	558197	321	prf:2204281A	Streptomyces coelicolor msdA	46.9	68.8	128	methylmalonic acid semialdehyde
641	4125	558969	558607	363						
642	4126	560634	559144	1491	prf:2516398E	Rhodococcus rhodochrous plasmid	41.7	71.5	487	aldehyde dehydrogenase

【0 2 5 6】



【表 3 2】

第 1-32 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
643	4127	561368	560634	735						
644	4128	562633	561368	1266	prf:24112578	Spingomonas sp redA2	41.1	71.6	409	reductase
645	4129	562632	562937	306						
646	4130	562963	562646	318	prf:23132488	Rhodobacter capsulatus fdxE	47.7	66.4	107	2Fe2S ferredoxin
647	4131	563736	562993	744	sp:PU24215_2	Pseudomonas putida cymb	35.8	70.8	257	p-cumic alcohol dehydrogenase
648	4132	565471	563732	1740	pir:JC4176	Pyrococcus furiosus Vc1 DSM 3638 ppsA	22.9	45.0	629	phosphoenolpyruvate synthetase
649	4133	565608	565706	99						
650	4134	566759	565680	1080	pir:JC4176	Pyrococcus furiosus Vc1 DSM 3638 ppsA	38.6	66.7	378	phosphoenolpyruvate synthetase
651	4135	568088	566799	1290	prf:21043336	Rhodococcus erythropolis thcB	34.8	65.2	422	cytochrome P450
652	4136	569075	568272	804	prf:2512309A	Erwinia carotovora carotovora kdsR	28.5	66.0	256	transcription repressor
653	4137	569452	570771	1320	sp:SECY_CORGL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum) MJ233 secY	99.8	100.0	440	preprotein translocase
654	4138	570774	571316	543	sp:KAD_MICLU	Micrococcus luteus adk	48.9	81.0	184	adenylate kinase
655	4139	571367	570756	612						
656	4140	571476	572267	792	sp:ANPM_BACSU	Bacillus subtilis 168	43.1	74.7	253	methionine amino
657	4141	572349	573176	828						
658	4142	573407	573622	216	prf:25032868	Bacillus halodurans O- 125 rpoA	79.2	95.8	72	initiation factor IF-I
659	4143	573816	574181	366	prf:25053538	Thermus thermophilus HB8 rps13	66.4	91.0	122	30S ribosomal protein S13
660	4144	574187	574588	402	sp:RS11_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2)	81.3	93.3	134	30S ribosomal protein S11
661	4145	574615	575217	603	prf:2211287F	Mycobacterium tuberculosis H37RV	82.6	93.9	132	30S ribosomal protein S4
662	4146	575366	575211	156						

【0257】

【表 33】

第 1-33 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
663	4147	575338	576351	1014	sp:RPOA_BACSU	Bacillus subtilis 168 rpoA	51.1	77.8	311	RNA polymerase alpha subunit
664	4148	576410	576898	489	sp:RL17_ECOLI	Escherichia coli K12	51.6	77.1	122	50S ribosomal protein
665	4149	577057	577923	867	sp:TRUA_ECOLI	Escherichia coli K12	37.0	61.1	265	pseudouridylyate
666	4150	578033	580429	2397	pir:G70695	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	24.8	51.2	786	membrane protein
667	4151	580891	580436	456						
668	4152	581221	580919	303						
669	4153	581406	582662	1257	pir:A70836	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	27.4	53.8	485	
670	4154	582684	584228	1545	sp:DIN_ARATH	Arabidopsis thaliana CY D1M	22.8	50.9	505	cell elongation protein
671	4155	584268	585620	1353	sp:CFA_ECOLI	Escherichia coli K12 cfa	30.7	56.0	423	cyclopropane-fatty- acyl-phospholipid
672	4156	585823	586248	426	gp:SCL2_30	Streptomyces coelicolor A3(2)	28.0	59.0	100	membrane protein
673	4157	587757	586399	1359	sp:ELYA_BACAO	Bacillus alcalophilus PB92	31.3	58.0		high-alkaline serine protease
674	4158	589015	587645	1371	pir:T10930	Streptomyces coelicolor A3(2)	24.0	50.6	516	integral membrane protein
675	4159	589296	592862	3567	pir:E70977	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3447c	65.0	38.4	1260	membrane protein
676	4160	592862	593761	900						
677	4161	593935	594258	324	pir:C70977	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3445c	31.1	69.9	103	
678	4162	594293	594580	288	prf:2111376A	Mycobacterium tuberculosis	36.3	81.3	80	ESAT-6 protein
679	4163	594606	594707	102						
680	4164	594939	595379	441	sp:RL13_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2)	58.6	82.1	145	50S ribosomal protein L13
681	4165	595382	595927	546	sp:RS9_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2)	49.2	72.4	181	30S ribosomal protein S9

【0258】

【表 3 4】

第 1-34 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
682	4166	596109	597449	1341	prf:2320260A	Staphylococcus aureus femR315	48.9	76.4	450	phosphoglucomutase
683	4167	598003	597911	93						
684	4168	597892	598194	303						
685	4169	599350	598778	573						
686	4170	598194	599702	1509	pir:S75138	Synechocystis sp. PCC6803 str1753	29.3	45.6	318	
687	4171	599699	599932	234						
688	4172	600876	600022	855	pir:S73000	Mycobacterium leprae 8229 F1.20	44.0	72.2	259	
689	4173	600971	602053	1083	sp:ALR_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3423c air	41.6	68.5	368	alanine racemase
690	4174	602080	602574	495	sp:Y097_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3422c	48.7	78.6	154	
691	4175	602811	604409	1599	sp:YIDE_ECOLI	Escherichia coli K12	28.9	66.2	550	
692	4176	604470	605708	1239	gp:PSJ00161_1	Propionibacterium shermanii pip	51.3	77.6	411	proline iminopeptidase
693	4177	605718	606392	675	sp:Y098_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3421c	52.2	75.4	207	
694	4178	606392	606898	507	sp:RIMI_ECOLI	Escherichia coli K12 rim1	30.3	59.9	132	ribosomal-protein- alanine N-
695	4179	606905	607936	1032	sp:GCP_PASHA	Pasteurella haemolytica SEROTYPE	46.1	75.2	319	O-sialoglycoprotein endopeptidase
696	4180	607958	609679	1722	sp:Y115_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3433c	38.4	59.4	571	
697	4181	609747	610175	429						
698	4182	610268	609816	453						
699	4183	610348	610644	297	sp:CH10_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3418c mopB	76.0	94.0	100	heat shock protein groES

【0 2 5 9】

【表 35】

第 1-35 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
700	4184	610659	612272	1614	sp:CH61_MYCLE	Mycobacterium leprae B229_03_248, groE1	63.3	85.1	537	heat shock protein groEL
701	4185	612714	612418	297	gp:AF073300_1	Mycobacterium smegmatis wh183	64.9	88.3	94	regulatory protein
702	4186	613156	613719	564	sp:Y09F_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3414c, sigD	55.2	81.6	174	RNA polymerase sigma factor
703	4187	613722	614747	1026						
704	4188	615180	614803	378	sp:Y09H_MYCLE	Mycobacterium leprae B1620_F3_131	41.4	69.8	116	
705	4189	615336	616853	1518	gp:AB003154_1	Corynebacterium ammoniaenes guaB	80.8	93.9	504	IMP dehydrogenase
706	4190	616973	618094	1122	gp:AB003154_2	Corynebacterium ammoniaenes	70.9	86.1	381	IMP dehydrogenase
707	4191	619013	618093	921	sp:YBIF_EC011	Escherichia coli K12	38.0	67.5	274	
708	4192	619086	619994	909	prf:1516239A	Bacillus subtilis gItC	29.0	58.4	262	Glu synthetase positive regulator
709	4193	620004	621572	1569	sp:GUAA_CORAM	Corynebacterium ammoniaenes guaA	81.6	92.8	517	GMP synthetase
710	4194	621717	622157	441						
711	4195	622269	622457	189						
712	4196	623635	622460	1176	gpu:SC063_22	Streptomyces coelicolor A3(2)	20.5	39.6	513	Integral membrane protein
713	4197	623800	624939	1140	gp:SC0610_15	Streptomyces coelicolor A3(2)	26.8	48.7	411	two-component system sensor kinase
714	4198	624985	625674	690	sp:DEGU_BACSU	Bacillus subtilis 168 degU	33.5	65.1	218	extracellular protease response
715	4199	625677	626000	324						
716	4200	626558	626070	489						
717	4201	627539	626577	963						
718	4202	627715	627596	120						
719	4203	627727	628551	825	pir:B70975	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3395c	30.9	64.2	201	

【0260】

【表 36】

第 1-36 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
720	4204	628551	630140	1590	pir:A70975	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3394c	37.5	64.1	563	
721	4205	630810	630151	660						
722	4206	630949	631809	861	gp:SC588_20	Streptomyces coelicolor A3(2)	33.8	62.9	275	
723	4207	632152	632247	96						
724	4208	632684	631824	861	gp:AE001935_7	Deinococcus radiodurans DR0809	27.8	58.3	288	
725	4209	633079	632690	390						
726	4210	633474	633079	396	gp:MMU92075_3	Mycobacterium marinum	36.8	67.4	95	
727	4211	635175	633532	1644	gpu:AF139916_3	Brevibacterium linens ATCC9175 crtI	50.4	76.2	524	phytoene desaturase
728	4212	636089	635178	912	gpu:AF139916_2	Brevibacterium linens ATCC9175 crtB	42.0	71.2	288	phytoene synthase
729	4213	638278	636089	2190	gp:SCF43A_29	Streptomyces coelicolor A3(2)	48.6	75.6	722	transmembrane transport protein
730	4214	638914	639006	93						
731	4215	639462	638317	1146	gpu:AF139916_1	Brevibacterium linens crtE	32.7	63.8	367	GGPP synthase
732	4216	639624	640208	585	gp:AF139916_14	Brevibacterium linens	38.3	68.1	188	MarR family transcription regulator
733	4217	640879	640232	648	sp:BLG_C1TR	Citrobacter freundii b1c QS60 b1c	33.1	62.1	145	outer membrane lipoprotein
734	4218	641133	642557	1425	gpu:AF139916_1	Brevibacterium linens	48.7	74.2	462	
735	4219	643959	642556	1404	gpu:AF139916_5	Brevibacterium linens cpd1	40.0	63.2	497	DNA photolyase
736	4220	643986	644075	90						
737	4221	644026	644778	753	gp:AF155804_7	Streptococcus suis	25.9	53.7	205	glycosyltransferase
738	4222	644983	645105	123						
739	4223	647590	645176	2415	gpu:SCF25_30	Streptomyces coelicolor A3(2)	24.3	54.9	897	ABC transporter integral membrane
740	4224	648309	647593	717	prf:2420410P	Bacillus subtilis yvr0	35.4	72.2	223	ABC transporter
741	4225	648467	648315	153						

【0261】

【表 37】

第 1-37 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
742	4226	649105	648440	666	prf:23202840	Helicobacter pylori	35.9	75.2	206	ABC transporter
743	4227	650193	649114	1080	sp:ABC_EC01.1	Escherichia coli TAP90 abc	43.6	75.4	346	ABC transporter
744	4228	651288	650392	897	sp:HLPA_HAEIN	Haemophilus influenzae	28.7	67.2	268	28kDa outer membrane protein precursor
745	4229	651601	654612	3012	prf:2517386A	SEROTYPE B hlpA	30.2	57.5	1101	DNA polymerase III
746	4230	654676	655122	447	gp:SC126_11	Streptomyces coelicolor A3(2)	41.5	62.3	159	Integral membrane protein
747	4231	655122	656534	1413	gp:SC126_11	Streptomyces coelicolor A3(2)	26.1	56.0	468	
748	4232	656547	657215	669	pir:C70884	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2788_sirR	50.3	76.4	203	transcriptional repressor
749	4233	658002	657205	798	gpu:SG68A_5	Streptomyces coelicolor A3(2)	34.9	61.7	264	Integral membrane protein
750	4234	658005	658142	138						
751	4235	658155	658928	774	pir:C69459	Archaeoglobus fulgidus AF1676	42.5	71.8	245	transcriptional regulatory protein
752	4236	659339	659232	108						
753	4237	659333	659424	492	gp:SC5H1_34	Streptomyces coelicolor A3(2)	45.2	78.3	157	
754	4238	659543	660538	996	gp:CDU02617_1	Corynebacterium diphtheriae irp1	31.1	62.2	357	iron-regulated lipoprotein precursor
755	4239	661120	660650	471	pir:E70971	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3366_spoU	62.9	86.1	151	rRNA methylase
756	4240	661166	662017	852	pir:C70970	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3356c_fold	70.9	87.4	278	methylenetetrahydrofolate dehydrogenase
757	4241	662120	662374	255	gp:MLC81779_8	Mycobacterium leprae MLC81779_16c	31.3	76.3	80	
758	4242	663761	662382	1380	gp:SC66T3_18	Streptomyces coelicolor A3(2)	34.0	63.2	489	membrane protein
759	4243	665088	664126	963						

【0262】

【表 38】

第 1-38 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
760	4244	666313	665183	1131	gp:AF052652_1	Corynebacterium glutamicum meta	99.5	99.5	379	homoserine O- acetyltransferase
761	4245	667770	666460	1311	prf:2317335A	Leptospira meyeri metY	49.7	76.2	429	O-acetylhomoserine sulphydrylase
762	4246	668264	670465	2202	sp:CSTA_ECOLI	Escherichia coli K12	53.9	78.4	690	carbon starvation
763	4247	670472	670672	201	sp:YJIX_ECOLI	Escherichia coli K12	40.0	66.0	50	
764	4248	671700	672653	954	pir:C70539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	71.0	86.4	317	
765	4249	672665	673576	912	prf:1902224A	Streptomyces hygroscopicus	41.6	76.2	281	carboxy phosphoenolpyruvate
766	4250	673639	672710	930						
767	4251	673608	674756	1149	sp:CISY_MYCSM	Mycobacterium smegmatis ATCC 607	56.1	81.3	380	citrate synthase
768	4252	674990	674799	192	sp:YNEC_ECOLI	Escherichia coli K12	34.0	62.3	53	
769	4253	676122	675082	1041	sp:MDH_METFE	Methanothermobacter fervidus V24S mdh	37.6	67.5	338	L-malate dehydrogenase
770	4254	676937	676218	720	prf:2514353L	Bacillus stearothermophilus T-6 uxuR	26.1	62.8	226	regulatory protein
771	4255	677748	677047	702						
772	4256	680044	677831	2214	sp:IDH_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032	100.0	100.0	738	monomeric isocitrate dehydrogenase
773	4257	681027	680131	897	sp:VIUB_VIBCH	Vibrio cholerae O6AWA 395 viuB	25.4	54.2	284	vibriobactin utilization protein
774	4258	681846	681040	807	gp:AF176902_3	Corynebacterium diphtheriae IrpID	55.4	85.1	269	ABC transporter AIP- binding protein
775	4259	682904	681846	1059	gp:AF176902_2	Corynebacterium diphtheriae IrpIC	56.3	86.4	339	ABC transporter membrane protein
776	4260	683866	682871	996	gp:AF176902_1	Corynebacterium diphtheriae IrpIB	63.0	88.2	330	ABC transporter membrane protein
777	4261	684925	683876	1050	gp:CDU02617_1	Corynebacterium diphtheriae IrpI	53.1	82.3	356	iron-regulated lipoprotein precursor
778	4262	685109	686380	1272	prf:2202262A	Streptomyces venezuelae cmv	32.2	69.6	395	chloramphenicol resistance protein

【0263】

【表 39】

第 1-39 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
779	4263	686435	687346	912	prf:22222208	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> crc	30.4	58.1	303	catabolite repression control protein
780	4264	687351	688007	657	sp:YIC8_HAEIN	<i>Haemophilus influenzae</i> Rd H11240	56.2	85.8	219	
781	4265	688141	688335	195						
782	4266	688990	688916	975						
783	4267	690696	689917	780	gp:AF109162_3	<i>Corynebacterium diphtheriae</i> hmuV	45.1	73.8	244	ATP-binding protein
784	4268	691722	690706	1017	pir:S54438	<i>Yersinia enterocolitica</i> hemJ	38.7	69.1	346	hemin permease
785	4269	691882	692916	1035	sp:SYW_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 trpS	54.4	79.8	331	tryptophanyl-tRNA synthetase
786	4270	693028	694110	1083	sp:YHJD_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12	37.1	72.3	278	
787	4271	694172	695074	903						
788	4272	696213	695077	1137	sp:DAGD_SALTY	<i>Salmonella typhimurium</i> LT2 dacD	30.9	57.5	301	penicillin-binding protein 6B precursor
789	4273	697995	696769	1227	pir:F70842	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv	34.1	70.7	417	
790	4274	698922	698065	858	gp:SC6610_8	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	29.4	52.6	323	secreted protein
791	4275	699072	699266	195						
792	4276	699272	698922	351						
793	4277	699281	699913	633	sp:UPP_LACLA	<i>Lactococcus lactis</i> upp	46.4	72.3	209	uracil phosphoribosyltransferase
794	4278	699998	700381	384	gp:SC1A2_11	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	41.6	66.2	77	DNA-binding protein
795	4279	702108	700384	1725	sp:MANB_MYCP1	<i>Mycoplasma pirum</i> BER	22.1	53.8	561	phosphomannomutase
796	4280	702081	703262	1182	pir:H70841	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv	51.4	80.5	385	N-acyl-L-amino acid amidohydrolase or peptidase
797	4281	703405	704811	1407	sp:DLDH_HALV0	<i>Halobacterium volcanii</i> ATCC 29605 lpd	31.6	65.0	468	dihydrolypoamide dehydrogenase
798	4282	705211	708630	3420	prf:2415454A	<i>Corynebacterium glutamicum</i> pyc	99.9	100.0	1140	pyruvate carboxylase

【0264】



【表 40】

第 1-40 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
799	4283	70839	709708	870	sp:Y039_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	26.2	60.1	263	
800	4284	709793	710278	486	gp:SCF11_30	Streptomyces coelicolor A3(2)	30.7	66.9	127	
801	4285	711605	710520	1086	pir:B69760	Bacillus subtilis 168 yciC	44.6	69.0	381	
802	4286	711724	712647	924	sp:TRYB_BACSU	Bacillus subtilis 1558 trxB	24.6	59.3	305	thioredoxin reductase
803	4287	712738	714231	1494	sp:PRPD_SALTY	Salmonella typhimurium LT2 prpD	24.0	49.5	521	PrpD protein
804	4288	714258	715145	888	prf:1902224A	Streptomyces hygroscopicus	42.5	74.5	278	carboxy phosphoenolpyruvate
805	4289	715102	716283	1182	sp:GISY_MYCSM	Mycobacterium smegmatis ATCC 507	54.6	78.9	383	citrate synthase
806	4290	716560	716286	375						
807	4291	717947	718048	102						
808	4292	718009	716687	1323	pir:B70539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1129c	40.8	72.6	456	
809	4293	718105	718350	246						
810	4294	720352	718580	1773	prf:2223173A	Corynebacterium glutamicum accBC	99.8	100.0	591	acyl coenzyme A carboxylase
811	4295	721449	720547	903	sp:THTR_CORBL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 thtr	100.0	100.0	225	thiosulfate sulfurtransferase
812	4296	721674	721549	126	gp:CJ11168X1_6	Campylobacter jejuni Cj0069	61.1	79.8	352	
813	4297	721777	722841	1065	gp:MLCB4_16	Mycobacterium leprae MLCB4_27c	51.1	76.7	133	
814	4298	723338	722925	414	pir:G70539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1565c	35.1	63.4	718	membrane protein
815	4299	723412	725559	2148						
816	4300	726462	725872	591	sp:YCEF_EC01	Escherichia coli K12	31.8	66.2	192	

【0265】

【表 4 1】

第 1-41 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
817	4301	726715	726470	246	prf:2323363CF	Mycobacterium leprae B1308-C3-211	33.3	69.8	63	
818	4302	728352	726742	1611	gp:AB018531_2	Corynebacterium glutamicum dtsR2	99.8	100.0	537	
819	4303	730324	728696	1629	pir:JC4991	Corynebacterium glutamicum AJ11060	99.6	100.0	543	detergent sensitivity rescuer
820	4304	730309	730413	105						
821	4305	730436	731299	864	sp:B1RA_EC011	Escherichia coli K12 b1RA	28.7	61.8	293	bi-functional protein (biotin operon)
822	4306	731312	731797	486	pir:G70979	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3278c	23.0	58.8	165	
823	4307	731857	733017	1161	sp:PUK_CORAM	Brevibacterium ammoniaenes ATCC 6872 purK	69.0	83.8	394	5'-phosphoribosyl-5- amino-4-imidasol carboxylase
824	4308	733072	734943	1872	sp:KUP_EC011	Escherichia coli K12	41.1	73.6	628	K(+)-uptake protein
825	4309	734984	735340	357						
826	4310	735427	735131	297						
827	4311	735402	735896	495	sp:PUK6_CORAM	Brevibacterium ammoniaenes ATCC 6872 purE	85.7	93.2	147	5'-phosphoribosyl-5- amino-4-imidasol carboxylase
828	4312	735899	736351	453	API33059_5	Actinosynnema	36.2	60.5	152	
829	4313	736346	736242	105						
830	4314	736413	737204	792	gp:SCF43A_36	Streptomyces coelicolor A3(2)	42.8	70.6	255	
831	4315	738529	737216	1314	sp:NTAA_CHEHE	Chelatobacter heintzii ATCC 29600 ntaA	43.2	73.0	426	nitritotriacetate monooxygenase
832	4316	740172	738673	1500	pir:AG9426	Archaeoglobus fulgidus AF1410	23.4	52.5	303	ISA0963-5 transposase
833	4317	741016	740228	789	sp:DHG2_BACME	Bacillus megaterium IAM 1030 gdh11	31.3	64.8	256	glucose 1-dehydrogenase
834	4318	741397	741765	369	pir:A72258	Thermotoga maritima MSB8 TM1408	29.2	68.8	96	
835	4319	741854	742195	342						

【0266】

【表 4 2】

第 1-42 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
836	4320	742384	741818	567	sp:YWJB_BACSU	Bacillus subtilis 168 ywjb	28.6	66.3	175	
837	4321	742409	742828	420	sp:SCJ9A_21	Streptomyces coelicolor A3(2)	35.9	76.8	142	
838	4322	743052	742831	222						
839	4323	743900	743067	834	prf:2406355C	Thermococcus litoralis malg	42.4	75.3	271	trehalose/maltose- binding protein
840	4324	744931	743900	1032	prf:2406355B	Thermococcus litoralis malf	37.3	70.3	306	trehalose/maltose- binding protein
841	4325	745513	745046	468						
842	4326	746893	745622	1272	prf:2406355A	Thermococcus litoralis male	30.9	62.4	417	trehalose/maltose- binding protein
843	4327	748026	747031	996	prf:2308356A	Streptomyces reticuli mslk	57.2	73.9		Cellobiose/Maltose transport protein
844	4328	748319	748191	129						
845	4329	748020	748442	423						
846	4330	748446	748814	369						
847	4331	753685	748886	4800	sp:AE001825_12 2	Deinococcus radiodurans DRB0135	25.1	49.9	1783	RNA helicase
848	4332	756486	756596	111						
849	4333	757395	753697	3699						
850	4334	758262	757630	633	pir:E70978	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	31.7	59.2	240	
851	4335	758790	758894	105						
852	4336	760796	758364	2433	pir:C71929	Helicobacter pylori J99 Jhp0462	30.0	62.5	720	
853	4337	762468	760906	1563	sp:UVRD_EC01	Escherichia coli K12	20.7	41.1	701	DNA helicase II
854	4338	769443	763237	6207	sp:AE001825_12 2	Streptomyces coelicolor SCH5.13	22.4	45.8	2033	RNA helicase
855	4339	774142	769547	4596	pir:T08313	Halobacterium sp. NRC- 1 plasmid pNRC100	24.4	53.2	698	
856	4340	777035	774150	2886	sp:HEPA_EC01	Escherichia coli K12 hepa	23.1	48.6	873	RNA polymerase associated protein (ATP-dependent)

【0267】

【表 4 3】

第 1-43 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
857	4341	777183	777049	135						
858	4342	778711	777158	1554	pir:D70978	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	45.5	71.4	527	
859	4343	779014	779910	897	gp:AF187550_1	Mycobacterium smegmatis mc2155 wbbL	56.4	77.9	289	dUDP-Rha:a-D-GlcNAc- diphosphoryl polyprenol, a-3-L- rhamnosyl transferase
860	4344	780128	781171	1044	sp:MPGI_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YDL055C	29.8	66.9	353	mannose-1-phosphate guanylyltransferase
861	4345	781468	781875	408	gp:AF164439_1	Mycobacterium smegmatis whmD	73.4	81.9	94	regulatory protein
862	4346	782617	782162	456	pir:B70847	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	48.9	74.8	139	
863	4347	782712	783101	390	gpu:SOE34_11	Streptomyces coelicolor A3(2)	51.5	71.3	136	
864	4348	783184	784557	1374	sp:MANB_SALMO	Salmonella montevideo M40 manB	38.0	66.3	460	phosphomannomutase
865	4349	784635	785639	1005	pir:B70594	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3256c	31.2	56.3	327	
866	4350	785643	786824	1182	sp:MANA_ECOLI	Escherichia coli K12 manA	36.9	66.2	420	mannose-6-phosphate isomerase
867	4351	786896	787045	150						
868	4352	787174	787275	102						
869	4353	787733	787170	564	prf:1804279K	Enterococcus faecalis plasmid pCF10 prgC	35.6	57.8	180	pheromone-responsive protein
870	4354	788196	788546	351						
871	4355	788672	790093	1422	sp:SAHH_TRIVA	Trichomonas vaginalis WAA38	59.0	83.0	476	S-adenosyl-L- homocysteine hydrolase
872	4356	790096	790704	609	sp:KTHY_ARCFU	Archaeoglobus fulgidus VC-16 AF0061	25.8	56.0	209	thymidylate kinase
873	4357	790732	791409	678	prf:2214304A	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3246c, mtrA	73.7	90.6	224	response regulator, transcriptional activator

【0 2 6 8】

【表 4 4】

第 1-44 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
874	4358	791421	790738	684						
875	4359	791512	793008	1497	prf:22143048	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3245c, mtrB	53.1	78.9	484	sensor-like histidine kinase
876	4360	794507	794611	105						
877	4361	793008	794711	1704	pir:F70592	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3244c, lpdB	29.6	65.6	595	lipoprotein
878	4362	794714	795301	588	pir:D70592	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3242c	38.0	72.8	213	
879	4363	795447	795292	156						
880	4364	795448	796110	663	sp:RR30_SP10L	Spinacia oleracea CV rps22	34.5	61.6	203	30S ribosomal protein, chloroplast precursor
881	4365	796250	798784	2535	R74093	Brevibacterium flavum MJ-233 secA	99.1	99.6	845	
882	4366	799020	799691	672						
883	4367	799697	800200	504	pir:A70591	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3231c	47.1	78.8	170	
884	4368	801194	800208	987	pir:F70590	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	64.6	82.9	322	
885	4369	802602	801190	1413						
886	4370	802649	803128	480	pir:D70590	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3226c	38.3	63.9	180	
887	4371	803777	803878	102						
888	4372	804240	803131	1110	pir:G70506	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	21.6	42.4	380	
889	4373	804408	805025	618	prf:2515333D	Mycobacterium tuberculosis sglH	61.2	87.2	188	RNA polymerase sigma factor
890	4374	805792	805535	258	pir:D70596	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3219, whiB1	78.6	96.4	84	regulatory protein

【0 2 6 9】

【表 45】

第 1-45 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
891	4375	806318	806737	420	pir:B70596	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3217c	33.3	65.1	129	membrane protein
892	4376	807939	806740	1200	pir:E70595	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	29.6	62.2	415	
893	4377	809217	807946	1272	sp:DEAD_KLEPN	Klebsiella pneumoniae CG43 dead	37.3	64.0	458	ATP-dependent RNA helicase DEAD
894	4378	809286	809510	225						
895	4379	809549	810394	846	pir:H70594	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3207c	46.4	69.8	291	
896	4380	810405	811163	759	pir:F70594	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3205c	37.0	65.9	249	
897	4381	811170	814217	3048	pir:G70951	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3201c	23.9	48.9	1155	ATP-dependent DNA helicase
898	4382	814204	817422	3219	pir:G70951	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3201c	41.4	65.7	1126	ATP-dependent DNA helicase
899	4383	817519	818523	1005	sp:Y138_METJA	Methanococcus jannaschii JAL-1	26.2	64.2	302	potassium channels
900	4384	818523	819236	714	pir:E70951	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3199c	30.4	58.3	230	
901	4385	819254	821287	2034	sp:UVRD_ECOLI	Escherichia coli K12	32.6	58.8	660	DNA helicase II
902	4386	822105	821290	816	pir:B70951	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	26.8	49.3	280	
903	4387	822079	822669	591						
904	4388	824125	822680	1446	pir:A70951	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	42.8	76.4	474	
905	4389	824190	825239	1050	pir:H70950	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	43.4	74.9	350	
906	4390	825916	825242	675						

【0270】

【表 4 6】

第 1-46 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
907	4391	826517	825996	522						
908	4392	826616	829570	2955	pir:G70950	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3193c	47.2	73.5		integral membrane protein
909	4393	830985	829627	1359	gp:AE001938_5	Deinococcus radiodurans DR0840	34.3	57.7	463	regulatory protein
910	4394	831021	831971	951	sp:ERI_NEVBR	Hevea brasiliensis laticifer er1	67.4	89.0	301	ethylene-inducible protein
911	4395	831971	832570	600	sp:YAAE_BACSU	Bacillus subtilis 168 yaaE	40.8	73.6	201	
912	4396	833654	833550	105						
913	4397	833572	834633	1062	pir:TRYX84	Lyso bacter enzymogenes ATCC 29487	26.7	44.4	408	alpha-lytic proteinase precursor
914	4398	834776	834931	156						
915	4399	834888	835388	501						
916	4400	835253	835837	585	pir:S03722	Neurospora intermedia LaBelle-1b mitochondrion plasmid	25.0	51.4	208	DNA-directed DNA polymerase
917	4401	836090	836248	159						
918	4402	836523	836660	138						
919	4403	837312	838892	1581	sp:CSP1_CORGL	Corynebacterium glutamicum MELASCOLA / ATCC 17965 csp1	27.0	51.5	363	PS1 protein precursor
920	4404	838925	839353	429						
921	4405	839630	840139	510						
922	4406	840108	840329	222						
923	4407	840431	840210	222						
924	4408	840745	840437	309						
925	4409	842296	841517	780	prf:2207273H	Streptomyces alboniger pur3	51.8	74.9	255	
926	4410	843124	842306	819	ap:U70376_9	Streptomyces flavogriseus spca	33.7	59.3	243	myo-inositol monophosphatase
927	4411	843312	843223	90						

【0271】

【表 47】

第 1-47 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
928	4412	843257	844360	1104	sp:RF2_STRC0	Streptomyces coelicolor A3(2) prfB	68.0	88.6	359	peptide chain release factor 2
929	4413	844495	845181	687	pir:E70919	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3102c_ftsE	70.4	91.2	225	cell division ATP- binding protein
930	4414	845198	846097	900	pir:D70919	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3101c_ftsX	40.5	74.8	301	cell division protein
931	4415	846137	846628	492	sp:SNPB_ECOLI	Escherichia coli K12	43.5	75.9	145	small protein B
932	4416	846805	846269	537	sp:YEA0_ECOLI	Escherichia coli K12	44.0	73.3	116	7aa
933	4417	846632	846982	351						
934	4418	847727	848026	300						
935	4419	848122	847718	405						
936	4420	849323	848499	825	sp:VIUB_VIBCH	Vibrio cholerae OGAWA 395 viuB	26.8	52.9	272	vibriobactin utilization protein
937	4421	850243	849326	918	prf:2510361A	Staphylococcus aureus sira	29.5	58.3	319	Fe-regulated protein
938	4422	850999	850412	588	sp:MLC81243_5	Mycobacterium leprae MLC81243.07	36.1	71.2	191	integral membrane protein
939	4423	851351	852364	1014	sp:FATB_VIBAN	Vibrio anguillarum 775 fatB	27.7	61.5	325	ferric anguibactin- binding protein
940	4424	852618	853616	999	pir:869763	Bacillus subtilis 168 yciN	39.3	80.8	313	ferrichrome ABC transporter (permease)
941	4425	853783	854724	942	pir:C69763	Bacillus subtilis 168 yciO	35.6	76.0	312	ferrichrome ABC transporter (permease)
942	4426	854724	855476	753	pir:D69763	Bacillus subtilis 168 yciP	48.4	82.0	250	ferrichrome ABC transporter (ATP- binding protein)
943	4427	856002	856229	228						
944	4428	857507	857397	111						
945	4429	857688	857783	96						
946	4430	859388	859134	255						

【0272】



【表 48】

第 1-48 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
947	4431	861544	862752	1209	pir:S66270	Rattus rattus	33.5	64.9	442	kynurenine aminotransferase/glutam ine transaminase K
948	4432	863391	862753	639						
949	4433	865066	863396	1671	sp:RA25_YEAST	Saccharomyces cerevisiae S288C	30.7	62.3		DNA repair helicase
950	4434	867317	865119	2199	pir:F70815	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0862c	36.1	65.2	764	
951	4435	867353	867571	219						
952	4436	868399	867803	597	prf:2420502A	Micrococcus luteus rpf	39.4	64.7	198	resuscitation-promoting factor
953	4437	867788	868630	843						
954	4438	868938	869318	381	prf:2320271A	Lactococcus lactis csob	42.6	75.4	61	cold shock-inducible protein
955	4439	869903	869379	525	gp:MLC857_11	Mycobacterium leprae MLC857_27c	28.3	58.5	159	
956	4440	870691	869918	774	gp:AE001874_1	Deinococcus radiodurans DR0112	41.8	67.8	273	glutamine cyclotransferase
957	4441	871419	870721	699						
958	4442	871523	871660	138						
959	4443	871859	871659	201						
960	4444	871738	873210	1473	gp:SC6C5_9	Streptomyces coelicolor A3(2)	43.6	79.3	477	permease
961	4445	873213	874040	828	sp:TSMR_STRAZ	Streptomyces azureus tsnR	27.9	51.7	319	rRNA (adenosine-2'-O-)- methyltransferase
962	4446	874944	874069	876						
963	4447	875883	874951	933	sp:YZ11_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0883c	32.6	55.1	316	
964	4448	877112	875985	1128	pir:S71439	Bacillus circulans ATCC 21783	21.9	52.9	374	phosphoserine transaminase
965	4449	877323	877207	117						

【0273】

【表 49】

第 1-49 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
966	4450	877838	879148	1311	sp:CISY_COR6L	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032	100.0	100.0	437	citrate synthase
967	4451	879276	879629	354	pir:A43328	Streptomyces chrysomallus ATCC gita	51.2	75.2	121	peptidylprolyl isomerase
968	4452	881114	879642	1473	sp:ACCD_ECOLI	Escherichia coli K12 accD	36.0	69.5	236	acetyl-coenzyme A carboxylase carboxy transferase subunit
969	4453	881647	881985	339	gp:SC18_8	Streptomyces coelicolor A3(2)	51.5	80.6	103	integral membrane protein
970	4454	881995	883647	1653	pir:JC2382	Pseudomonas coelicolor A3(2)	26.4	58.1	549	sodium/proline
971	4455	883726	884541	816						
972	4456	885388	884549	840	pir:A70657	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2525c	49.0	77.4	243	
973	4457	885672	894578	8907	pir:S55505	Brevibacterium ammoniaenes fas	63.1	83.4	3026	fatty-acid synthase
974	4458	894703	895191	489						
975	4459	895212	895355	144						
976	4460	895408	895593	186						
977	4461	896642	895596	1047	prf:23173358	Leptospira meyeri metX	29.0	59.7	335	Homoserine 0- acetyltransferase
978	4462	897144	896719	426						
979	4463	897423	897689	267						
980	4464	897963	897727	237	gp:AE002044_8	Deinococcus radiodurans DR2085	43.6	72.6	62	glutaredoxin
981	4465	898434	897979	456	prf:2408256A	Mycobacterium avium	38.0	62.0	171	dihydrofolate reductase
982	4466	899231	898434	798	sp:TYSY_ECOLI	Escherichia coli K12	64.8	88.9	261	thymidylate synthase
983	4467	900008	899253	756	sp:CYSQ_ECOLI	Escherichia coli K12	32.2	56.4	202	ammonium transporter
984	4468	900043	904602	4560	gp:SC7C7_16	Streptomyces coelicolor A3(2)	47.4	68.1	1715	ATP dependent DNA helicase
985	4469	904615	905382	768	sp:FPG_SYMEN	Synechococcus elongatus naegeli mutM	29.2	51.0	298	formamidyrimidine-DNA glycosidase

【0274】

【表 50】

第 1-50 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7≦/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
986	4470	905389	905796	408	pir:F70816	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0870c	55.5	86.7	128	
987	4471	906391	905792	600	sp:APL_LACLA	Lactococcus lactis apl	38.8	71.9	196	alkaline phosphatase like protein
988	4472	907731	906559	1173	gp: AL096844	Streptomyces coelicolor SC128.06c	33.8	67.0		integral membrane transporter
989	4473	909378	907759	1620	pir:NUEC	Escherichia coli JM101 pEI	52.4	77.0	557	glucose-6-phosphate isomerase
990	4474	910696	909521	1176	gp: Z97991	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0336	24.6	52.3	195	
991	4475	911163	910855	309	sp:YT26_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0948c	59.0	85.9	78	
992	4476	910843	911223	381						
993	4477	911226	913514	2289	sp:PCRA_BACST	Bacillus stearothermophilus NCA 1503 pcrA	46.1	73.1	763	ATP-dependent helicase
994	4478	915699	913477	2223	gpu:SCE25_30	Streptomyces coelicolor A3(2)	21.8	48.6	885	ABC transporter integral membrane
995	4479	916364	915699	666	prf:2420410P	Bacillus subtilis 168 yvr0	43.8	71.4	217	ABC transporter
996	4480	916874	916368	507						
997	4481	917680	916970	711	pir:D70716	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0950c	43.6	73.3	236	
998	4482	918054	917827	228						
999	4483	917928	919352	1425	sp:YT19_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	31.1	60.8	434	membraneprotein
1000	4484	919330	919956	627	gp:AB003159_2	Corynebacterium ammoniaenes purN	64.6	86.2	189	5'- phosphoribosylglycinami de formyltransferase

【0275】

【表 51】

第 1-51 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1001	4485	919567	921526	1560	gp:AB003159_3	Corynebacterium ammoniaenes purH	74.5	87.8	525	5'-phosphoribosyl-5- aminoimidazole-4- carboxamide formyltransferase
1002	4486	921759	922412	654	gp:CGL133719_3	Corynebacterium glutamicum cite	100.0	100.0	217	citrate lyase
1003	4487	923061	922396	666	gp:CGL133719_2	Corynebacterium glutamicum amrR	100.0	100.0	222	repressor of the high- affinity (methyl) ammonium uptake system
1004	4488	923464	923138	327	gp:CGL133719_1	Corynebacterium glutamicum yjcc yjcc	100.0	100.0	109	
1005	4489	924407	924159	249	sp:RR18_CYAPA	Gyanophora paradoxa	52.2	76.1	67	30S ribosomal protein
1006	4490	924727	924425	303	sp:RS14_EC01	Escherichia coli K12	54.0	80.0	100	30S ribosomal protein
1007	4491	924895	924734	162	sp:RL33_EC01	Escherichia coli K12	55.1	83.7	49	50S ribosomal protein
1008	4492	925134	924901	234	pir:R5EC28	Escherichia coli K12	52.0	81.8	77	50S ribosomal protein
1009	4493	926935	925325	1611	pir:B70033	Bacillus subtilis 168 yvdB	34.4	71.1	529	transporter
1010	4494	927242	926931	312	prf:2420312A	Staphylococcus aureus znr	37.5	77.5	80	Zn/Cu transport repressor
1011	4495	927474	927137	264	sp:RL31_HAEDU	Haemophilus ducreyi	37.2	65.4	78	50S ribosomal protein
1012	4496	927785	927339	447						
1013	4497	927752	927922	171	gp:SC51A_14	Streptomyces coelicolor A3(2)	60.0	78.2	55	50S ribosomal protein
1014	4498	928117	928812	696	sp:COPR_PSESM	Pseudomonas syringae copR	48.0	73.6	227	copper-inducible two- component regulator
1015	4499	928884	930248	1365	sp:BAES_EC01	Escherichia coli K12	24.4	60.1	484	sensor protein
1016	4500	930410	931648	1239	pir:S45229	Escherichia coli K12	33.3	59.9	406	proteinase D0
1017	4501	931706	932290	585	sp:CNX1_ARATH	Arabidopsis thaliana CV cnx1	27.7	54.3	188	molybdenum cofactor biosynthesis protein
1018	4502	932290	932487	198						
1019	4503	932974	932570	405	sp:MSCL_WYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0985c_msdL	50.4	77.1	131	large-conductance mechanosensitive channel

【0276】

【表 52】

第 1-52 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1020	4504	933710	933060	651	pir:A70601	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	28.6	60.0	210	
1021	4505	934302	933733	570	pir:JC4389	Homo sapiens LIVER MTHFS	25.1	59.7	191	5- formyltetrahydrofolate UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase
1022	4506	934423	935319	897	pir:JC4985	Xanthomonas campestris	42.2	68.9	296	molybdopterin biosynthesis protein
1023	4507	935351	936607	1257	prf:24032968	Arthrobacter nicotinovorans moeA	31.8	62.6	390	ribosomal-protein- alanine N-
1024	4508	936615	937274	660	sp:RIMJ_ECOLI	Escherichia coli K12 rimJ	29.0	54.9	193	
1025	4509	937382	938401	1020	pir:G70601	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	30.3	54.8	367	
1026	4510	939217	937799	1419		Escherichia coli K12	26.6	62.4	380	cyanate transport
1027	4511	938427	939626	1200	sp:CYNX_ECOLI	Haemophilus influenzae RD H11602	32.1	60.6	137	
1028	4512	939686	940090	405	sp:Y602_HAEIN	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	25.3	59.6	225	
1029	4513	940041	940754	714	sp:Y05G_MYCTU	Rv0093c	26.8	53.6	444	cyclomaltodextrinase
1030	4514	940759	941925	1167	sp:CDAS_BACSH	Bacillus sphaericus E- 244 Qbase				
1031	4515	942237	942106	132						
1032	4516	943940	942381	1560						
1033	4517	944009	944833	825	sp:Y19J_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	54.0	78.3	272	
1034	4518	944996	946780	1785	sp:BETP_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 betP	100.0	100.0	595	glycine betaine transporter
1035	4519	946840	948669	1830	sp:SYM_METTH	Methanobacterium thermoautotrophicum DELTA H MTH587, metG	33.8	66.7	615	methionyl-tRNA synthetase
1036	4520	948791	950839	2049	prf:1306383A	Escherichia coli recQ	26.2	49.0	741	ATP-dependent DNA

【0277】

【表 53】

第 1-53 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1037	4521	951460	950828	633	pir:B69206	Methanobacterium thermoautotrophicum Delta H MTH96	27.6	53.3	210	
1038	4522	952991	951834	1158	sp:YXAG_BACSU	Bacillus subtilis 168 yxag	30.0	59.0	363	
1039	4523	953573	953043	531						
1040	4524	953973	954266	294	gp:AF029727.1	Enterococcus faecium	33.0	59.6	94	transposase
1041	4525	954941	955354	414	gp:AF052055.1	Brevibacterium linens tnpA	73.2	88.4	112	transposase subunit
1042	4526	955354	955497	144						
1043	4527	957398	955686	1713	prf:2014253AE	Escherichia coli dld	46.4	75.6	565	D-lactate dehydrogenase
1044	4528	958683	957844	840	sp:MTK1_KLEPN	Klebsiella pneumoniae OK8 kpnIM	30.8	62.8	231	site-specific DNA- methyltransferase
1045	4529	959403	959185	219						
1046	4530	960081	960374	294	gp:AF029727.1	Enterococcus faecium	33.0	59.57	94	transposase
1047	4531	961662	961321	342						
1048	4532	961629	962249	621	prf:2514367A	Staphylococcus aureus cadD	31.7	66.83	205	cadmium resistance protein
1049	4533	962288	962413	126						
1050	4534	962809	963639	831	pir:C70603	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	46.4	70.72	263	
1051	4535	963684	963776	93						
1052	4536	963864	964934	1071	pir:D70603	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1009_rpf	34.8	63.5	362	
1053	4537	964974	965852	879	sp:KSGA_ECOLI	Escherichia coli K12 ksgA	34.3	65.3	265	dimethyladenosine transferase
1054	4538	965852	966784	933	pir:F70603	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	42.5	67.0	315	
1055	4539	966828	968660	1833	pir:S47441	Saccharopolyspora erythraea ertX	65.5	85.8	478	ABC transporter
1056	4540	968667	969458	792	sp:PDXX_ECOLI	Escherichia coli K12 pdxK	40.1	67.4	242	pyridoxine kinase

【0278】

【表 54】

第 1-54 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1057	4541	969940	969461	480	sp:YX05_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	27.0	58.5	159	
1058	4542	970029	970349	321	gp:SCF1_2	Streptomyces coelicolor A3(2)	45.4	78.7	108	
1059	4543	970418	970738	321	gp:SCF1_2	Streptomyces coelicolor A3(2)	35.5	69.2	107	
1060	4544	970864	971823	960	gp:SCJ1_15	Streptomyces coelicolor A3(2)	64.8	88.1	261	
1061	4545	971976	971887	90						
1062	4546	973035	972244	792	sp:YXEH_BACSU yxeh	Bacillus subtilis 168	27.2	59.1	276	
1063	4547	973139	974155	1017	pir:E70893	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	35.6	70.9	337	enoyl-CoA hydratase
1064	4548	974186	974962	777						
1065	4549	976176	974965	1212						
1066	4550	976349	977734	1386	sp:CSP1_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 17965	27.7	56.8	440	secreted proteins
1067	4551	978378	977800	579	gp:SCF56_6	Streptomyces coelicolor A3(2)	44.0	70.0	100	tetr-family transcriptional
1068	4552	980740	978368	2373	gp:SCF87_17	Streptomyces coelicolor A3(2)	42.6	70.0	802	membrane transport protein
1069	4553	980993	981490	498	sp:WENG_HAEIN	Haemophilus influenzae RD H10508, merged	38.2	75.8	157	s-adenosylmethionine:2- demethylmenaquinone methyltransferase
1070	4554	981622	982287	666						
1071	4555	982674	982294	381	gdu:NMA672491_214	Neisseria meningitidis NMA1953	29.8	63.6	121	
1072	4556	983100	984650	1551	pir:A70539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1128c	24.9	48.3	482	
1073	4557	986510	984864	1647	pir:I59305	Escherichia coli K12 prfC	39.2	68.0	546	peptide-chain-release factor 3

【0279】

【表 55】

第 1-55 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7シ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1074	4558	986739	988007	1269	prf:2406311A	Methylophilus methylophilus fmdD	42.8	72.8	404	amide-urea transport protein
1075	4559	988023	988904	882	prf:2406311B	Methylophilus methylophilus fmdE	40.8	61.0	77	amide-urea transport protein
1076	4560	988904	989980	1077	prf:2406311C	Methylophilus methylophilus fmdF	34.6	68.0	234	amide-urea transport protein
1077	4561	989980	990705	726	sp:8RAF_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa PAO braF	37.9	70.0	253	high-affinity branched- chain amino acid transport ATP-binding
1078	4562	990716	991414	699	sp:8RAG_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa PAO braG	35.2	69.1	236	high-affinity branched- chain amino acid transport ATP-binding
1079	4563	992028	991417	612	sp:PTH_ECOLI	Escherichia coli K12				peptidyl-tRNA hydrolase
1080	4564	992058	993080	1023	sp:2NPQ_WILMR	Williopsis mirabilis 0895	25.2	54.0	361	2-nitropropane dioxygenase
1081	4565	993549	994613	1065	sp:G3P_ZVMNO	Streptomyces roseofulvus gapX gap	39.5	72.8	342	glyoxaldehyde-3- phosphate dehydrogenase
1082	4566	995375	994845	531	sp:PTH_ECOLI	Escherichia coli K12	38.5	63.2	174	peptidyl-TMS hydrolase
1083	4567	996126	995527	600	sp:CIC_BACSU	Bacillus subtilis 168	30.1	65.8	196	general stress protein
1084	4568	996141	996248	108						
1085	4569	996402	996830	429	sp:LGUL_SALTY	Salmonella typhimurium D21 gltA	28.7	54.6	143	lactoylg lutathione lyase
1086	4570	997456	996833	624	prf:25164018W	Bacillus cereus ATCC 10987 alkD	38.9	62.5	208	DNA alkylation repair enzyme
1087	4571	998440	997466	975	sp:KPRS_BACCL	Bacillus subtilis prs	44.0	79.1	316	ribose-phosphate pyrophosphokinase
1088	4572	999909	998455	1455	pir:S66080	Bacillus subtilis gcaD	42.0	71.9	452	UDP-N-acetylglucosamine pyrophosphorylase
1089	4573	1001242	1000016	1227						
1090	4574	1001332	1002864	1533	sp:SUF1_ECOLI	Escherichia coli K12	30.8	61.7	506	sufI protein precursor
1091	4575	1003013	1003930	918	sp:NOD1_RHIS3	Rhizobium sp. N33 nodI	35.8	64.8	310	modulation ATP-binding protein I
1092	4576	1003953	1004783	831	pir:JN0850	Streptomyces lividans ORF2	30.2	63.2	272	

【0280】



【表 56】

第 1-56 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1093	4577	1004829	1006085	1257	sp:UHPB_EC011	Escherichia coli K12	24.6	48.4	459	sensor protein
1094	4578	1006089	1006697	609	prf:2107255A	Streptomyces peucetius dnrN	36.6	67.3	202	1aa
1095	4579	1006937	1006734	204						
1096	4580	1006998	1008152	1155	gp:SCF15_7	Streptomyces coelicolor A3(2)	31.5	64.5	349	membrane protein
1097	4581	1008686	1008534	153						
1098	4582	1008622	1010061	1440	pir:S65587	Streptomyces glaucescens strV	28.6	57.0	535	ABC transporter
1099	4583	1010057	1011790	1734	pir:T114180	Mycobacterium smegmatis exit	44.0	74.0	573	ABC Transporter
1100	4584	1013761	1011797	1965	sp:G6T_EC011	Escherichia coli K12 gag	32.4	58.6	666	gamma- glutamyltranspeptidase precursor
1101	4585	1014016	1014264	249						
1102	4586	1014861	1014343	519						
1103	4587	1014925	1015116	192						
1104	4588	1015852	1015145	708	gp: AF121000_8	Corynebacterium glutamicum strain 22243 R-plasmid pAg1	99.6	100.0	236	IS1628 transposase InpB
1105	4589	1015652	1016560	909						
1106	4590	1016557	1017018	462						
1107	4591	1017870	1017274	597						
1108	4592	1018416	1019066	651	sp:TETC_EC011	Escherichia coli tetr	23.0	59.6	183	Tn10 tetracycline repressor protein TetR
1109	4593	1019090	1022716	3627	sp:MFD_EC011	Escherichia coli mfd	36.2	65.1	1217	transcription/repair- coupling protein
1110	4594	1024666	1022699	1968	sp:MDLB_EC011	Escherichia coli mdIB	31.3	62.7	632	multidrug resistance- like ATP-binding protein, ABC-type
1111	4595	1026396	1024666	1731	sp:YC73_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1273c	50.2	81.9	574	ABC transporter

【0281】

【表 57】

第 1-57 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1112	4596	1028886	1026505	2382	sp:YL13_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ORF3	99.7	100.0	368	
1113	4597	1030283	1029006	1278	sp:YL12_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ORF2	99.8	100.0	426	
1114	4598	1031871	1030369	1503	sp:LYS1_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 lys1	99.8	100.0	501	L-lysine permease
1115	4599	1031885	1032181	297						
1116	4600	1032196	1032780	585	sp:YARN_BACSU	Bacillus subtilis yabN	33.8	57.7		
1117	4601	1033185	1032760	426						
1118	4602	1033646	1033269	378						
1119	4603	1033954	1034739	786	pir:A70623	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1022, lpgL	46.5	68.9	241	
1120	4604	1034949	1036223	1275	sp:ENO_BACSU	Bacillus subtilis eno	64.5	86.0	422	enolase (2- PHOSPHOGLYCERATE DEHYDRATASE) (2- PHOSPHO-D- GLYCERATE
1121	4605	1036316	1036855	540	pir:C70623	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1024	31.9	55.0	191	
1122	4606	1036900	1037445	546	pir:D70623	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1025	59.5	77.8	153	
1123	4607	1037481	1036498	984						
1124	4608	1037448	1038410	963	sp:GPPA_ECOL1	Escherichia coli gppA	25.2	55.0	329	guanosine pentaphosphatase: exopolysphatase
1125	4609	1039650	1038721	930						
1126	4610	1039783	1039977	195	sp:THD2_ECOL1	Escherichia coli tdcB	30.3	64.7	314	threonine dehydratase
1127	4611	1039996	1040325	330						

【0282】

【表 58】

第 1-58 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1128	4612	1040494	1040682	189	pir:872287	Thermotoga maritima (strain MS88)	46.3	74.1	56	
1129	4613	1040925	1041917	993	sp:RHAR_EC0L1	Escherichia coli rhaR	24.8	55.8	242	transcription activator of L-rhamnose operon
1130	4614	1042027	1042842	816	pir:F70893	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1072	57.8	80.1	282	transmembrane protein
1131	4615	1043747	1043298	450	gp:SCF55_39	Streptomyces coelicolor A3(2)	30.0	57.1	140	secreted protein
1132	4616	1044295	1043774	522	sp:GREA_EC0L1	Escherichia coli greA	35.0	60.1	143	transcription elongation factor
1133	4617	1044510	1044415	96						
1134	4618	1044959	1044477	483	gp:AL021897	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1081c	34.3	72.1	140	
1135	4619	1045158	1046030	873	pir:S44952	Streptomyces lincolnensis ImbE	31.7	56.3	300	
1136	4620	1046073	1046390	318						
1137	4621	1046610	1047707	1098	sp:AR0G_CORGL	Corynebacterium glutamicum aroG	99.2	99.5	367	3-deoxy-D- arabinoheptulosonate-7- phosphate synthase member of family UPF0015
1138	4622	1047827	1048501	675	sp:YARF_CORGL	Corynebacterium glutamicum CCRC 18310	96.0	97.3	97	
1139	4623	1048525	1049043	519						
1140	4624	1050362	1049427	936	sp:COAA_EC0L1	Escherichia coli coaA	53.9	79.9	308	pantothenate kinase
1141	4625	1050624	1051925	1302	gps:R97745	Brevibacterium flavum WJ-233 g1YA	99.5	100.0	434	Serine hydroxymethyl transferase. Serine hydroxymethyl:transfer p-aminobenzoic acid synthase
1142	4626	1052021	1053880	1860	sp:PABS_STRGR	Streptomyces griseus pabS	47.6	70.1	696	
1143	4627	1053880	1054602	723						
1144	4628	1055032	1054640	393						
1145	4629	1054859	1055722	864						

【0283】

【表 59】

第 1-59 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1146	4630	1055783	1056319	537	gp:A01504_1	<i>Alcaligenes faecalis</i> ptcR	30.3	58.8	165	Phosphinothricin resistance protein
1147	4631	1057200	1056322	879	sp:YBGK_EC01	<i>Escherichia coli</i> ybgK	30.3	59.0	300	
1148	4632	1057868	1057200	669	sp:YBGJ_EC01	<i>Escherichia coli</i> ybgJ	37.8	57.8	225	
1149	4633	1058598	1057843	756	sp:LANB_EMEN1	<i>Emicella nidulans</i>	30.8	52.2	276	lactam utilization
1150	4634	1057573	1058628	1056						
1151	4635	1059214	1058624	591	sp:YCSH_BAGSU	<i>Bacillus subtilis</i>	40.6	81.2	165	
1152	4636	1060112	1060792	681	sp:YDHC_BAGSU	<i>Bacillus subtilis</i> ydhC	26.0	63.2	204	transcriptional
1153	4637	1060869	1062146	1278						
1154	4638	1063629	1062211	1419	sp:FUMH_RAT	<i>Rattus norvegicus</i> fumH	52.0	79.4	456	fumarate hydratase precursor
1155	4639	1063936	1064424	489	gp:AF049979_1	<i>Rhodococcus</i> <i>erythropolis</i> IGTS8	32.7	65.4	159	NADH-dependent FMN oxydoreductase
1156	4640	1064738	1064478	261						
1157	4641	1065200	1064754	447						
1158	4642	1065867	1065304	564	gp:SCAH10_16	<i>Streptomyces</i> <i>coelicolor</i> A3(2)	55.4	81.0	184	reductase
1159	4643	1066134	1067570	1437	sp:SOXA_RHOS0	<i>Rhodococcus</i> sp. IGTS8 soxA	39.1	67.7	443	dibenzothiophene desulfurization
1160	4644	1067570	1068649	1080	sp:SOXC_RHOS0	<i>Rhodococcus</i> sp. IGTS8 soxC	25.8	51.3	372	metabolizes dibenzothiophene to DBT 5,5-dioxide
1161	4645	1068649	1069845	1197	sp:SOXC_RHOS0	<i>Rhodococcus</i> sp. IGTS8 soxC	28.9	61.6	391	metabolizes dibenzothiophene to DBT 5,5-dioxide
1162	4646	1069853	1069963	111						
1163	4647	1069959	1071134	1176	gp:EC0237695_3	<i>Escherichia coli</i> K12 ssuB	45.3	73.1	397	FMN2-dependent aliphatic sulfonate
1164	4648	1072441	1071479	963	sp:GLPX_EC01	<i>Escherichia coli</i> K12 glpX	44.3	75.7	325	not yet known, probably involved in glycerol metabolism, but is not required for growth on glycerol.

【0284】

【表 60】

第 1-60 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1165	4649	1072676	1073245	570	pir:B70897	Mycobacterium tuberculosis H37RV	27.5	56.4	211	
1166	4650	1075241	1073340	1902	pir:H70062	Bacillus subtilis ymd	31.3	66.1	227	secreted protein
1167	4651	1075553	1075329	225	gp:SCH24_37	Streptomyces coelicolor A3(2)	36.6	78.1	82	transmembrane efflux protein
1168	4652	1075357	1075641	285						
1169	4653	1075909	1075667	243	sp:EXTS_EC0LI	Escherichia coli K12 MG1655 xseB	40.3	67.7	62	exodeoxyribonuclease small subunit
1170	4654	1077183	1075933	1251	sp:EXTL_EC0LI	Escherichia coli K12 MG1655 xseA	30.0	55.6	466	exodeoxyribonuclease large subunit
1171	4655	1077297	1078271	975	sp:LYTB_EC0LI	Escherichia coli K12 lytB	50.2	78.8	311	involved in penicillin tolerance and control of the stringent
1172	4656	1079146	1078319	828						
1173	4657	1080540	1079221	1320	sp:PERM_EC0LI	Escherichia coli K12	26.3	63.9	338	permease
1174	4658	1080965	1080786	180						
1175	4659	1082679	1082795	117						
1176	4660	1082708	1080972	1737	sp:NTPR_RAT	Rattus norvegicus (Rat) SLC6A7, ntpR	30.3	61.4	552	sodium-dependent proline transporter
1177	4661	1084183	1082951	1233	sp:CSP1_CORGL	Corynebacterium glutamicum (Bravibacterium flavum) ATCC 17965	29.9	60.0	412	secreted protein
1178	4662	1084380	1085462	1083	sp:YYAF_BAGSU	Bacillus subtilis yvaF	70.1	88.6		GTP-binding protein
1179	4663	1085791	1086087	297	gp: L31763	Dichelobacter nodosus intA	57.3	80.0	75	virulence-associated protein I
1180	4664	1086096	1086917	822	sp:OTCA_PSAE	Pseudomonas aeruginosa argF	29.6	58.8	301	ornithine carbamoyltransferase
1181	4665	1087544	1087044	501	sp:YKKB_BAGSU	Bacillus subtilis	39.2	69.9	143	9-cis retinol dehydrogenase
1182	4666	1088293	1087664	630	gp:AF013288_1	Mus musculus RDH4	33.8	60.6	198	
1183	4667	1089740	1088535	1206	sp:YIS1_STR00	Streptomyces coelicolor SC308.10	42.2	73.0	396	IS110 transposase/integrase
1184	4668	1090175	1093216	3042	sp:YEGE_EC0LI	Escherichia coli K12	23.0	52.2	1153	

【0285】

【表 61】

第 1-61 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1185	4669	1093929	1094693	765	sp:NODC_RHINE	Rhizobium meliloti nodC	22.8	47.1	259	N-acetylglucosaminyltrans ferase
1186	4670	1094693	1094911	219						
1187	4671	1095052	1095384	333						
1188	4672	1095677	1095387	291	pir:S43613	Corynebacterium glutamicum	82.5	93.8	97	transposase (insertion sequence IS31831)
1189	4673	1096093	1095719	375	pir:JC4742	Corynebacterium glutamicum Brevibacterium lactofermentum ATCC	79.2	94.4	125	transposase
1190	4674	1096331	1096188	144	pir:JC4742	Corynebacterium glutamicum Brevibacterium lactofermentum ATCC	87.5	95.8	48	transposase
1191	4675	1096471	1096331	141						
1192	4676	1096397	1096633	237						
1193	4677	1097111	1096746	366						
1194	4678	1097229	1097726	498						
1195	4679	1097750	1098592	843	sp:MORA_PSEPU	Pseudomonas putida M10 nra	37.5	66.3	264	morpine-6- dehydrogenase (naloxone 4-CARBOXYMICONOLACTONE DECARBOXYLASE (OHD)
1196	4680	1098609	1098929	321	sp:DC4C_ACICA	Acinetobacter calcoaceticus dc4c	33.3	63.9	108	
1197	4681	1099209	1099015	195						
1198	4682	1099768	1099115	654	gp:AF058302_19	Streptomyces roseofulvus frns	34.9	66.4	146	involved in frenolitin biosynthesis
1199	4683	1099822	1099917	96						
1200	4684	1099917	1101653	1737	gp:SPU59234_3	Synochococcus PCC7942 accC	48.1	78.5	563	biotin carboxylase
1201	4685	1101788	1101678	111						
1202	4686	1102043	1102639	597						
1203	4687	1102695	1103192	498						
1204	4688	1103180	1103524	345						
1205	4689	1103661	1103542	120						

【0286】

【表 62】

第 1-62 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1206	4690	1103951	1104103	153						
1207	4691	1106058	1104103	1956	sp:YT15_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0959	57.9	80.3	655	
1208	4692	1107381	1106086	1296	sp:BCHI_RHOSH	Rhodococcus sphaeroides ATCC 17023	27.7	52.6	329	magnesium chelate subunit
1209	4693	1107560	1108201	642	gp:AMU73808_1	Amycolatopsis methanolica pgm	33.8	62.5	160	2,3-PDG dependent phosphoglycerate mutase
1210	4694	1108201	1108905	705	pir:A70577	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2133c	38.2	60.7	262	
1211	4695	1108993	1109754	762	gp:STNBOPA_1	Streptomyces hygroscopicus SF1293	29.4	59.3	248	carboxyphosphoenolpyruvate phosphonmutase
1212	4696	1109792	1111432	1641	sp:TLRC_STRFR	Streptomyces fradiae tlrc	31.7	54.1	593	tyrosin resistance ATP- binding protein
1213	4697	1111820	1111425	396	sp:Y06C_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2923c	29.4	66.9	136	
1214	4698	1111889	1112230	342	sp:PHNA_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 phnA	55.0	82.0	111	
1215	4699	1112957	1112484	474	sp:YXAD_BACSU	Bacillus subtilis	32.1	62.7	134	
1216	4700	1113102	1114319	1218	gp:SPN7367_1	Streptococcus pneumoniae pmrA	22.6	59.4	367	multi-drug resistance efflux pump
1217	4701	1114486	1115793	1308	gp:D17429	Brevibacterium lactofermentum ATCC31831	99.5	99.8	436	Protein product of B. lactofermentum insertion sequence
1218	4702	1116905	1115832	1074	gp:RFAU3152_2	Ruminococcus flavefaciens cysteine desulphurase gene	43.9	73.4	376	cysteine desulphurase
1219	4703	1117744	1116908	837	sp:NADC_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis	42.1	68.9	283	nicotinate-nucleotide pyrophosphorylase
1220	4704	1118932	1117751	1182	pir:E69663	Bacillus subtilis nadA	49.3	77.6	361	quinolinate synthetase
1221	4705	1119727	1119086	642	gp:SC588_7	Streptomyces coelicolor SC588.07	37.0	60.9	235	DNA hydrolase

【0287】

【表 63】

第 1-63 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1222	4706	1120205	1120804	600	gp:AE001961_5	<i>Deinococcus radiodurans</i> R1 DR1112	23.4	54.7	192	
1223	4707	1121432	1120833	600	gp:SC3A7_8	<i>Streptomyces coelicolor</i> SC3A7_08	36.0	66.4	214	
1224	4708	1121809	1121468	342	sp:YB0F_EC0LI	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 ybdF	41.7	74.1	108	
1225	4709	1122606	1121818	789	gp:AA21740	<i>Escherichia coli</i> K12	30.1	60.7	216	lipote-protein ligase
1226	4710	1123070	1122900	171						
1227	4711	1123033	1123461	429	sp:PHNB_EC0LI	<i>Escherichia coli</i> K12	29.7	60.8	148	
1228	4712	1124826	1123534	1293	sp:PCAK_PSEPU	<i>Pseudomonas putida</i> pcaK	28.8	64.3	420	4-hydroxybenzoate transporter
1229	4713	1126020	1124836	1185	sp:PHHY_PSEAE	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> phly	40.8	68.6	395	p-hydroxybenzoate hydroxylase (4-hydroxybenzoate 3-monoxygenase)
1230	4714	1126422	1127009	588	pir:A69859	<i>Bacillus subtilis</i> 168 ykoE	36.7	69.6	191	
1231	4715	1127013	1128350	1338	sp:YJJK_EC0LI	<i>Escherichia coli</i> yjJK	24.8	47.6	532	ABC transporter ATP-binding protein
1232	4716	1128350	1129102	753	pir:669858	<i>Bacillus subtilis</i> 168 ykoG	25.6	61.6	250	
1233	4717	1129102	1129632	531						
1234	4718	1129655	1130704	1050	sp:CHAA_EC0LI	<i>Escherichia coli</i> chaA	33.3	69.0	339	Ca <sup>2+</sup> /H <sup>+</sup> antiporter ChaA
1235	4719	1130721	1131428	708	pir:C75001	<i>Pyrococcus abyssi</i> (strain Orsay) PAB1341	28.4	57.6	236	
1236	4720	1132123	1131401	723	sp:YWAF_BAGSU	<i>Bacillus subtilis</i> ywaf	27.6	61.1	221	
1237	4721	1134472	1132133	2340	sp:UWRA_THETH	<i>Thermus thermophilus</i> unrA	35.5	58.7	946	exonuclease ABC, subunit A
1238	4722	1134561	1135055	495	sp:TPX_WYGTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV tpx	57.3	81.7	164	thioredoxin peroxidase
1239	4723	1135476	1135691	216						
1240	4724	1136833	1135058	1776						
1241	4725	1137891	1136938	954	sp:YEDL_EC0LI	<i>Escherichia coli</i> yedL	39.9	72.0	318	membrane protein

【0288】



【表 6 4】

第 1-64 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1242	4726	1137960	1138859	900	sp:APBA_PYRH0	Pyrococcus horikoshii apbA	34.2	61.4		2-dehydropanoate 2- reductase
1243	4727	1138880	1139245	366						
1244	4728	1139196	1139492	297						
1245	4729	1139357	1139617	261						
1246	4730	1140021	1139635	387						
1247	4731	1140861	1140028	834	sp:CTR2_PENVA	Penaeus vannamei	28.8	51.3	271	chymotrypsin BII
1248	4732	1141245	1140901	345	sp:ARC2_EC0LI	Escherichia coli	43.2	72.1	111	arsenate reductase (arsenical pump)
1249	4733	1141273	1142472	1200	sp:YYAD_BACSU	Bacillus subtilis yyad	23.5	62.4	340	
1250	4734	1143015	1142479	537	pir:F70559	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1632c	43.5	71.4	147	
1251	4735	1143739	1143026	714	pir:F70555	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1157c	35.8	62.9	221	
1252	4736	1144118	1146028	1911	sp:TYP4_EC0LI	Escherichia coli K12 typA	46.3	76.7	614	GTP-binding protein (tyrosine phosphorylated protein A)
1253	4737	1146097	1147602	1506	pir:F70874	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1166	27.9	54.9	506	membrane protein
1254	4738	1147592	1148461	870	pir:B70875	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1170	38.7	61.9	315	
1255	4739	1148445	1148882	438						
1256	4740	1148953	1149267	315	sp:FER_STRGR	Streptomyces griseus	78.6	91.3	103	ferredoxin [4Fe-4S]
1257	4741	1149279	1150379	1101	sp:AAT_BACSP	Bacillus sp. (strain YM-2) aat	25.9	52.9	397	aspartate aminotransferase
1258	4742	1150408	1151028	621						
1259	4743	1151186	1152370	1185						
1260	4744	1153263	1152373	891	gp:CGAJ4934_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 dapD	100.0	100.0	229	succinylation of piperidine-2,6- dicarboxylate

【0289】

【表 65】

第 1-65 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1261	4745	1154683	1153295	1389	sp:AROP_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 arop	100.0	100.0	463	aromatic amino acid permease
1262	4746	1155676	1154729	948	pir:SS2753	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 orf3	100.0	100.0	316	
1263	4747	1155731	1156837	1107	prf:2106301A	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 dapE	99.7	100.0	369	succinyl- diaminopimelate desuccinylase
1264	4748	1156902	1157669	768	pir:S60064	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 orf2	100.0	100.0	211	
1265	4749	1157694	1158524	831	gp:U15180	Staphylococcus aureus dhps	38.4	69.2	250	dihydropteroate synthase
1266	4750	1158524	1159252	729	gp:MLU15180_14	Mycobacterium leprae u17561 u17561	45.7	73.1	245	
1267	4751	1159267	1159572	306	pir:G70609	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	31.3	67.7	99	
1268	4752	1159635	1159799	165	esp:W32443	Mycobacterium tuberculosis	72.3	91.5	47	antigen TbAAIX, useful in vaccines for prevention or treatment of mycobacterial infection
1269	4753	1159865	1160728	864	sp:MYRA_M1CGR	Micromonospora griseorubida myrA	39.2	67.8	286	mycinamicin-resistance gene
1270	4754	1162231	1160738	1494	sp:SCRB_PEDPE	Pedococcus pentosaceus scrb	23.5	51.0	524	sucrose-6-phosphate hydrolase
1271	4755	1163605	1162379	1227	sp:GLGA_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 glgA	24.7	51.3	433	ADP-glucose-- starch (bacterial glycogen)
1272	4756	1163702	1164916	1215	sp:GLGC_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) glgC	61.0	81.8	400	glucose-1-phosphate adenylyltransferase
1273	4757	1165612	1164974	639	sp:MDMC_STRMY	Streptomyces mycarofaciens MdmC	25.8	62.4	93	methyltransferase

【0290】

【表 66】

第 1-66 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1274	4758	1165746	1166384	639	sp:RPOE_ECOLI	Escherichia coli rpoE	27.3	57.2	194	RNA polymerase sigma factor (sigma-24); heat shock and
1275	4759	1166576	1167067	492						
1276	4760	1167110	1167577	468	pir:C70508	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1224	45.5	73.2	112	
1277	4761	1168711	1167587	1125	sp:MRP_ECOLI	Escherichia coli mrp	43.6	72.0	257	ATPase
1278	4762	1169325	1168747	579	pir:B70509	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1231c	60.4	83.8	154	
1279	4763	1170610	1169321	1290	pir:C70509	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1232c	49.8	77.0	434	
1280	4764	1170672	1171187	516	pir:A70952	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1234	57.9	87.1	140	
1281	4765	1171206	1171871	666						
1282	4766	1172462	1171869	594						
1283	4767	1176271	1172501	3771	prf:2306367A	Corynebacterium glutamicum AJ12036	99.4	99.8	1257	2-oxoglutarate dehydrogenase
1284	4768	1180048	1176308	3741	sp:MDR2_CR1GR	Cricetulus griseus (Chinese hamster) MDR2	28.8	60.4	1288	multidrug resistance protein 2 (p-glycoprotein 2)
1285	4769	1180837	1180121	717	pir:H70953	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1249c	31.7	72.1	240	
1286	4770	1181672	1180872	801	sp:ARO_ECOLI	Escherichia coli aroE	25.5	61.2	255	shikimate dehydrogenase
1287	4771	1181747	1183603	1857						
1288	4772	1183607	1184257	651						
1289	4773	1184280	1185155	876						
1290	4774	1185742	1185218	525						
1291	4775	1185825	1187039	1215	sp:TCR1_ECOLI	Escherichia coli transposon In1721 tetA	27.1	61.4	409	tetracycline resistance protein

【0291】

【表 67】

第 1-67 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1292	4776	1187043	1188389	1347	sp:TCMA_STRGA	Streptomyces glaucescens TcmA	32.4	64.2	444	metabolite export pump of tetracycline C resistance
1293	4777	1190622	1188388	2235	pir:SS7636	Madagascar periwinkle	45.2	72.2	774	5- methyltetrahydropteroyl triglutamate-- homocysteine S-
1294	4778	1191087	1191542	456						
1295	4779	1191751	1191620	132						
1296	4780	1192410	1193807	1398	esp:Y29930	Nocardia asteroides strain KGB1	55.2	79.5	444	thiophene biotransformation
1297	4781	1193867	1194190	324						
1298	4782	1194165	1195109	945						
1299	4783	1195916	1195125	792						
1300	4784	1195974	1197620	1647						
1301	4785	1197624	1197815	192						
1302	4786	1197834	1197929	96						
1303	4787	1199543	1197990	1554	sp:CYDC_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 cydC	28.7	63.5	526	ABC-type transport protein
1304	4788	1201075	1199543	1533	sp:CYDD_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 cydD	29.4	58.4	551	ABC-type transport protein
1305	4789	1202088	1201090	999	sp:CYDB_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 cydB	31.2	69.9	365	cytochrome D ubiquinol oxidase subunit II
1306	4790	1203632	1202094	1539	gsp:Y69879	Brevibacterium lactofermentum	99.6	99.0	512	cytochrome type bd quinol oxidase subunit
1307	4791	1206180	1203916	2265	sp:YEJH_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 yeJH	26.4	55.0	402	restriction- modification systems
1308	4792	1207223	1206831	393	sp:MUTT_PROVU	Proteus vulgaris mutT	36.9	65.6	98	Mutator protein (7,8- dihydro-8-oxoguanine- triphosphatase) (8-oxo- dGTP pyrophosphohydrolase)
1309	4793	1207374	1208138	765						

【0292】

【表 68】

第 1-68 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1310	4794	1209615	1208212	1404	sp:PROY_SALTY	Salmonella typhimurium prof	51.3	85.0	433	proline-specific permease
1311	4795	1209831	1209923	93						
1312	4796	1209834	1212129	2196	sp:DEAD_KLEPN	Klebsiella pneumoniae dead	48.1	74.3	643	Dead box atp-dependent rna helicase
1313	4797	1213115	1212429	687	prf:23233638T	Mycobacterium leprae B1308 C2_181	24.7	47.4	247	
1314	4798	1213269	1214858	1590	sp:PCPB_FLAS3	Spingomonas flava pcpb	24.5	47.7	595	pentachlorophenol-4- monooxygenase
1315	4799	1214871	1215938	1068	sp:CLCE_PSEB	Pseudomonas sp. B13	40.4	72.0	354	maleylacetate reductase
1316	4800	1215952	1216836	885	sp:CATA_ACICA	Acinetobacter calcoaceticus cata	30.6	59.4	278	catechol 1,2- dioxygenase
1317	4801	1217374	1216904	471						
1318	4802	1217982	1217443	540	pir:A70672	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2972c	31.9	58.4	185	
1319	4803	1219602	1218031	1572	ep:CGPUTP_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 pulp	100.0	100.0	524	proline transport system
1320	4804	1219895	1222996	3102	SNF2_YEAST	Saccharomyces cerevisiae SNF2	24.9	55.4	878	transcription regulatory protein
1321	4805	1222986	1223843	858						
1322	4806	1223887	1225059	1173	pir:E70755	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1277	39.2	67.3	395	phosphoesterase
1323	4807	1225329	1225186	144						
1324	4808	1225066	1227693	2628	sp:Y084_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1278	29.7	59.6	915	
1325	4809	1227863	1228636	774	ep:AB029896_1	petroleum-degrading bacterium HD-1 hde	37.3	64.6	220	lipase
1326	4810	1228718	1229095	378						
1327	4811	1229716	1229180	537	sp:ATOE_ECOLI	Streptomyces coelicolor SC102.14c	37.7	69.7	122	short-chain fatty acids transporter

【0293】

【表 69】

第 1-69 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1328	4812	1229150	1229335	786						
1329	4813	1229995	1230480	486	sp:PECS_ERWCH	Erwinia chrysanthemi	24.7	56.6	166	regulatory protein
1330	4814	1230610	1230831	222						
1331	4815	1231432	1230914	519						
1332	4816	1231730	1232479	750	sp:FNR_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 fnr	25.0	57.9	228	fumarate (and nitrate) reduction regulatory protein
1333	4817	1232603	1232836	234	sp:WERP_SHEPU	Shewanella putrefaciens merP	33.3	66.7	81	mercuric transort protein periplasmic component precursor
1334	4818	1233007	1234881	1875	sp:ATZN_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 atzN	38.0	70.6	605	zinc-transporting ATPase Zn(II)- translocating P-type
1335	4819	1234983	1235612	630	sp:RELA_VIBSS	Vibrio sp. S14 relA	32.9	58.4	137	GTP pyrophosphokinase (ATP:GTP 3'- pyrophosphotransferase) (ppgpp synthetase I)
1336	4820	1238125	1236545	1581	esp:R80504	Streptomyces lividans tap	26.6	49.3	601	tripeptidyl aminopeptidase
1337	4821	1238274	1239923	1650	sp:SYR_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13059 / AS019 argS	100.0	100.0	550	arginyl-tRNA synthetase
1338	4822	1239929	1241263	1335	sp:DCDA_CORGL	Corynebacterium glutamicum lys A	100.0	100.0	445	DAP decarboxylase (meso-diaminopimelate decarboxylase)
1339	4823	1242156	1241554	603						
1340	4824	1242127	1242291	165						
1341	4825	1242275	1242156	120						
1342	4826	1242507	1243841	1335	sp:DHOM_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13059 / AS019 thrB	100.0	100.0	445	homoserine dehydrogenase
1343	4827	1243855	1244781	927	sp:KHSE_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13059 / AS019 hom	100.0	100.0	309	homoserine kinase

【0294】

【表 70】

第 1-70 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1344	4828	1245201	1243942	1260						
1345	4829	1245532	1244843	690						
1346	4830	1246496	1245720	777	sp:NAR1_BACSU	Bacillus subtilis nar1	45.0	69.6	220	nitrate reductase gamma chain
1347	4831	1247239	1246508	732	sp:NARJ_BACSU	Bacillus subtilis narJ	30.3	63.4	175	nitrate reductase delta chain
1348	4832	1248791	1247199	1593	sp:NARH_BACSU	Bacillus subtilis narH	56.6	83.4	505	nitrate reductase beta chain
1349	4833	1252537	1248794	3744	sp:NARG_BACSU	Bacillus subtilis narG	46.9	73.8	1271	nitrate reductase alpha chain
1350	4834	1253906	1252557	1350	sp:NARK_ECOLI	Escherichia coli K12 narK	32.8	67.9	461	nitrate extrusion protein
1351	4835	1254146	1254634	489	CNX1_ARATH	Arabidopsis thaliana cnx1	32.5	65.0	157	molybdopterin biosynthesis cnx1 protein (molybdenum cofactor biosynthesis extracellular serine protease precursor)
1352	4836	1256602	1254737	1866	sp:PTS_SERMA	Serratia marcescens (strain IF0-3046) prts	21.1	45.9	738	
1353	4837	1257858	1256851	1008	sp:Y003_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1841c	30.8	62.6	334	
1354	4838	1259265	1257865	1401	Y002_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1842c	31.6	60.2	472	
1355	4839	1259989	1259429	561	sp:PPU242952_2	Pseudomonas putida mobA	27.5	52.3	178	molybdopterin guanine dinucleotide synthase
1356	4840	1261201	1259993	1209	sp:MOEA_ECOLI	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0438c moeA-2 moeA	32.8	58.2	366	molybdopterin biosynthesis protein
1357	4841	1262818	1261688	1131	sp:CNX2_ARATH	Arabidopsis thaliana cnx2	51.4	73.7	354	molybdopterin biosynthesis protein Molybdenum (molybdenum cofactor biosynthesis)

【0295】

【表 7 1】

第 1-71 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1358	4842	1264610	1262886	1725	sp:ALKK_PSE0L	Pseudomonas oleovorans	36.7	65.7	572	edum-chain fatty acid-CoA ligase
1359	4843	1265070	1264957	114						
1360	4844	1265142	1267427	2286	sp:RHO_MICLIJ	Micrococcus luteus rho	50.7	73.8	753	Rho factor
1361	4845	1267430	1268503	1074	sp:RF1_EC0LI	Escherichia coli K12 RF-1	41.9	71.9	363	peptide chain release factor 1
1362	4846	1268507	1269343	837	sp:HEMK_EC0LI	Escherichia coli K12	31.1	57.9	280	protoporphyrinogen
1363	4847	1269396	1270043	648	sp:Y02L_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1301	62.3	86.0	215	
1364	4848	1270047	1271192	1146	sp:RFE_EC0LI	Escherichia coli K12 rfe	31.1	58.4	322	Involved in synthesis of enterobacterial common antigen
1365	4849	1271213	1271698	486						
1366	4850	1272340	1273149	810	sp:ATP6_EC0LI	Escherichia coli K12 atp6	24.1	56.7	245	ATP synthase chain a (protein 6)
1367	4851	1273286	1273525	240	sp:ATPL_STRLI	Streptomyces lividans atpL	54.9	85.9	71	H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase lipid-binding protein. ATP synthase C chain
1368	4852	1273559	1274122	564	sp:ATPF_STRLI	Streptomyces lividans atpF	27.8	66.9	151	H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase chain b
1369	4853	1274131	1274943	813	sp:ATPD_STRLI	Streptomyces lividans atpD	34.3	67.2	274	H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase delta chain
1370	4854	1274975	1276648	1674	sp:ATPA_STRLI	Streptomyces lividans atpA	66.9	88.4	516	H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase alpha chain
1371	4855	1276708	1277682	975	sp:ATPG_STRLI	Streptomyces lividans atpG	46.3	76.6	320	H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase gamma chain
1372	4856	1277688	1279136	1449	sp:ATPB_CORGL	C. glutamicum (ASO 19) atpB	99.8	100.0	483	H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase beta chain
1373	4857	1279151	1279522	372	sp:ATPE_STRLI	Streptomyces lividans atpE	41.0	73.0	122	H <sup>+</sup> -transporting ATP synthase epsilon chain
1374	4858	1279762	1279646	117						

【0296】



【表 7 2】

第 1-72 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1375	4859	1279770	1280240	471	sp:Y02W_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1312	38.6	67.4	132	
1376	4860	1280270	1280959	690	sp:Y036_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1321	70.0	85.7	230	
1377	4861	1281714	1281262	453	sp:Y0JC_BACSU	Bacillus subtilis yqjC Rv1321	35.8	68.7	134	
1378	4862	1281794	1282105	312	sp:YC20_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1898	54.5	79.2	101	
1379	4863	1282194	1283114	921	sp:Y039_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1324	37.9	71.4	301	
1380	4864	1283324	1284466	1143	gp:EC0237695_3	Escherichia coli K12 ssuB	50.3	74.3	366	FMNH2-dependent aliphatic sulfonate
1381	4865	1284542	1284432	111						
1382	4866	1284517	1285284	768	sp:SSUC_ECOLI	Escherichia coli K12 ssuC	40.8	75.8	240	aliphatic sulfonates transport permease
1383	4867	1285302	1286030	729	sp:SSUB_ECOLI	Escherichia coli K12 ssuB	50.4	72.8	228	aliphatic sulfonates transport permease
1384	4868	1286043	1286999	957	sp:SSUA_ECOLI	Escherichia coli K12 ssuA	35.1	62.1	311	sulfonate binding protein precursor
1385	4869	1289473	1287281	2193	sp:GL08_ECOLI	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1326c_glgB_glgB	46.1	72.7	710	1,4-alpha-glucan branching enzyme (glycogen branching)
1386	4870	1291007	1289514	1494	sp:AMV3_DICTH	Dictyoglomus thermophilum amyC	22.9	50.5	467	alpha-amylase
1387	4871	1291699	1292577	879	sp:FEPG_ECOLI	Escherichia coli K12 fepC	31.8	87.6	211	ABC transport ATP- binding protein
1388	4872	1293222	1294025	804	pir:C70860	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3040c	39.6	68.5	260	

【0297】

【表 73】

第 1-73 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1389	4873	1294151	1295206	1056	pir:H70859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3037c	43.1	70.0	367	
1390	4874	1295435	1296220	786	sp:FIXA_RHINE	Rhizobium meliloti fixA	31.2	64.8	244	electron transfer flavoprotein beta-
1391	4875	1296253	1297203	951	sp:FIXB_RHINE	Rhizobium meliloti fixB	33.1	61.8	335	electron transfer flavoprotein alpha subunit for various
1392	4876	1297212	1298339	1128	NIFS_AZOV	Azotobacter vinelandii nifs	35.2	67.7	375	nitrogenase cofactor synthesis protein
1393	4877	1298653	1298342	312						
1394	4878	1298541	1298681	141						
1395	4879	1300145	1299000	1146	sp:Y4NE_RHISN	Rhizobium sp. NGR234 plasmid pNGR234a	29.5	55.7	397	
1396	4880	1300369	1300145	225	sp:Y4NF_RHISN	Rhizobium sp. NGR234 plasmid pNGR234a Y4nF	47.5	76.3	59	
1397	4881	1300552	1301055	504	sp:YHBS_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 yhbS	34.8	55.3	181	
1398	4882	1301929	1300988	942						
1399	4883	1303123	1301975	1149						
1400	4884	1303299	1303694	396						
1401	4885	1303829	1304923	1095	pir:G70858	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3024c	61.8	80.9	361	Novel bacterial polypeptides used to identify broad spectrum antibiotics
1402	4886	1304932	1305921	990	pir:B70857	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3015c	33.7	66.0	332	
1403	4887	1307384	1305924	1461	gp:AL021006	Streptomyces glaucescens tcmA	30.2	65.8	500	tetracycline c resistance and export protein
1404	4888	1308196	1307462	735						

【0298】

【表 74】

第 1-74 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1405	4889	1308330	1310369	2040	sp:DNLJ_RHOMR	Rhodothermus marinus dn1J	42.8	70.6	677	dna ligase (polydeoxyribonucleotide synthase [NAD+])
1406	4890	1311097	1310435	663	pir:H70856	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3013	40.0	70.9	220	
1407	4891	1311320	1311616	297	gp:AL035569	Staphylococcus aureus ratC	35.1	72.2	97	RNA-dependent amidotransferase C
1408	4892	1311625	1313115	1491	gp:AL021287	Staphylococcus aureus ratA	48.4	76.2	479	amidotransferase subunit A
1409	4893	1313270	1314118	849	sp:VIUB_VIBU	Vibrio vulnificus viub	28.1	54.0	263	involved in intracellular removal of iron from iron-
1410	4894	1314775	1314470	306	gpu:SC06_24	Streptomyces coelicolor A3(2)	46.9	79.2	96	membrane protein
1411	4895	1315013	1316083	1071	sp:PFP_AMYNE	Amycolatopsis methanolica pfp	54.8	77.9	358	pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1- phosphotransferase
1412	4896	1316338	1317444	1107	sp:CCPA_BACME	Bacillus megaterium ccpA	31.4	31.4	328	GLUCOSE-RESISTANCE AMYLASE REGULATOR (CATABOLITE CONTROL)
1413	4897	1317434	1319005	1572	gp:Z99122	Escherichia coli K12 rbsA	44.7	76.2	499	ribose transport atp- binding protein
1414	4898	1319005	1319976	972	sp:RBSB_EC0LI	Escherichia coli K12 MG1655 rbsC	45.6	76.9	329	high affinity ribose transport protein
1415	4899	1320001	1320942	942	sp:RBSB_EC0LI	Escherichia coli K12 MG1655 rbsB	45.9	77.7	305	periplasmic ribose- binding protein
1416	4900	1320952	1321320	369	sp:RBSB_EC0LI	Escherichia coli K12 MG1655 rbsD	41.7	68.4	139	high affinity ribose transport protein
1417	4901	1321490	1321323	168						
1418	4902	1321476	1322111	636	sp:YIW2_YEAST	Saccharomyces cerevisiae Y1042c	31.0	58.0	200	
1419	4903	1322393	1323406	1014	gp:SCF34_13	Streptomyces coelicolor SCF34.13c	31.4	60.2	354	

【0299】

【表 75】

第 1-75 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1420	4904	1323533	1324537	1005	sp:NTCI_RAT	Rattus norvegicus NTC1	35.8	61.9	268	Na-dependent bile acid transporter
1421	4905	1324778	1326256	1479	gsp:W61467	Staphylococcus aureus WHU 29 ratB	43.1	71.8	485	RNA-dependent amidotransferase B
1422	4906	1326378	1327049	672	sp:F4RE_METJA	Methanococcus jannaschii MJ1501	32.6	61.1	172	putative F420-dependent NADH reductase
1423	4907	1327596	1328243	648	gsp:W37716	Corynebacterium glutamicum R127 orf3	100.0	100.0	216	
1424	4908	1328953	1328246	708	gp: X96471	Corynebacterium glutamicum R127 lysE	100.0	100.0	236	Lysine exporter protein
1425	4909	1329015	1329884	870	gp: X96471	Corynebacterium glutamicum R127 lysG	100.0	100.0	290	Lysine export regulator protein
1426	4910	1330967	1329891	1077	sp:YQJG_EC0LI	Escherichia coli K12 yqjG	39.8	66.9	317	
1427	4911	1331102	1331875	774	pir:A70672	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2972c	39.3	62.4	234	
1428	4912	1331953	1333008	1056	pir:H70855	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3005c	27.4	52.6	325	
1429	4913	1333424	1333188	237						
1430	4914	1335280	1333442	1839	gp: AJ012293	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ilvD	99.2	99.4	613	dihydroxy-acid dehydratase
1431	4915	1335975	1335412	564	pir:G70855	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3004	33.3	68.6	105	
1432	4916	1337567	1336095	1473	sp:YILV_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 yilV	100.0	100.0	62	
1433	4917	1338020	1337931	90						
1434	4918	1338131	1340008	1878	sp:ILVB_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ilvB	99.8	100.0	626	acetoaldehyde synthase, large subunit

【0300】

【表 76】

第 1-76 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/80)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1435	4919	1340025	1340540	516	gp: L09232	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ilvN	100.0	100.0	172	acetoaldehyde acid synthase, small subunit
1436	4920	1340724	1341737	1014	gp: L09232	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ilvC	100.0	100.0	338	acetoaldehyde acid isomeroreductase
1437	4921	1342457	1341960	498	sp:NRD_SYNP7	Synechococcus sp nrtD	50.9	80.8	167	nitrate transport ATP- binding protein
1438	4922	1342727	1342461	267	sp: MALK_ENTAE	Enterobacter aerogenes (Aerobacter aerogenes) malk	46.0	78.2	87	maltose/maltodextrin transport ATP-binding protein
1439	4923	1343675	1342794	882	sp:NRTA_ANASP	Anabaena sp. (strain PCC 7120) nrtA	28.1	56.8	324	nitrate transporter protein
1440	4924	1343773	1344033	261						
1441	4925	1344018	1344464	447						
1442	4926	1344440	1344808	369						
1443	4927	1344935	1345420	486	sp: D1M6_STRCO	Streptomyces coelicolor	39.4	73.2	142	actinorhodin polyketide dimerase
1444	4928	1345487	1345335	153						
1445	4929	1345566	1345477	90						
1446	4930	1345486	1346439	954	sp: CZGD_ALCEU	Ralstonia eutropha czGD	39.1	72.7	304	cobalt-zinc-cadmium resistance protein
1447	4931	1346458	1348272	1815	sp: Y686_METJA	Methanococcus	22.9	53.7	642	
1448	4932	1348334	1350076	1743						
1449	4933	1350855	1352444	1590	gsp: Y22646	Brevibacterium flevum serA	99.8	100.0	530	Wild type 3-PGDH protein
1450	4934	1352585	1353451	867						
1451	4935	1353489	1354508	1020	sp: LEU3_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 leuB	100.0	100.0		3-isopropylmalate dehydrogenase
1452	4936	1355601	1354540	1062						
1453	4937	1356437	1356342	96						
1454	4938	1355689	1357554	1866	pir: T03476	Rhodobacter capsulatus strain SBI1003	32.9	63.1	620	

【0301】

【表 77】

第 1-77 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1455	4939	1357557	1358210	654						homoprotocatechuate catabolism bi functional isomerase/decarboxylase [includes: 2- hydroxyhepta-2,4-diene- 1,7-dioate isomerase(hhdd isomerase): 5- carboxymethyl-2-oxo- hex-3-ene-1,7-dioate decarboxylase(oget 3-O-methyltransferase
1456	4940	1358259	1359062	804	ep: AL021287	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2983c	33.3	59.2	228	
1457	4941	1359052	1359669	618	sp:UBIq_ECOLI	Escherichia coli K12	23.4	55.7	192	
1458	4942	1359810	1359914	105						
1459	4943	1361295	1360168	1128	sp:DHBC_BACSU	Bacillus subtilis dhbc	38.0	70.4	371	isochorismate synthase
1460	4944	1361361	1362848	1488	sp:SYE_BACSU	Bacillus subtilis sye	37.3	69.7	485	Glutaryl-tRNA synthase
1461	4945	1363138	1362926	213						
1462	4946	1363657	1363142	516						
1463	4947	1364253	1363732	522						
1464	4948	1364960	1364340	621						
1465	4949	1365180	1364878	303						
1466	4950	1364915	1365256	342						
1467	4951	1365396	1365217	180						
1468	4952	1366769	1366888	120						
1469	4953	1366953	1367045	93						
1470	4954	1367167	1367286	120						
1471	4955	1367293	1367117	177						
1472	4956	1367293	1367505	213						
1473	4957	1367752	1367880	129						
1474	4958	1368070	1367888	183						
1475	4959	1368400	1369551	1152						
1476	4960	1369551	1369874	324						

【0302】

【表 78】

第 1-78 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1477	4961	1371637	1369877	1761	sp:THIC_BACSU	Bacillus subtilis thia	65.1	81.0	599	biosynthesis of the pyrimidine moiety of thiamin (thiamin biosynthesis)
1478	4962	1372326	1371979	348						
1479	4963	1372601	1373131	531						
1480	4964	1375776	1373350	2427	sp:PHS1_RAT	Rattus norvegicus	44.2	74.0	797	glycogen phosphorylase
1481	4965	1375987	1375805	183						
1482	4966	1376088	1375933	156						
1483	4967	1377555	1376149	1407	sp:YRKH_BACSU	Bacillus subtilis yrkh	25.4	52.8	299	
1484	4968	1378415	1377666	750	sp:Y441_METJA	Methanococcus Jannaschii Y441	25.4	64.8	256	
1485	4969	1378942	1378466	477						
1486	4970	1379003	1379566	564	sp:SPOT_ECOLI	Escherichia coli K12 spot	29.8	60.1	178	guanosine 3',5'- bis(diphosphate) 3'- pyrophosphatase
1487	4971	1380259	1379555	705	sp:ICLR_ECOLI	Escherichia coli K12 iclr	26.1	60.7	257	acetate repressor protein
1488	4972	1380440	1381882	1443	sp:LEU2_ACTT1	Actinoplanes teichomyceticus leu2	68.1	87.5	473	3-isopropylmalate dehydratase large
1489	4973	1381902	1382492	591	sp:LEUD_SALTY	Salmonella typhimurium	67.7	89.2	195	3-isopropylmalate dehydratase small
1490	4974	1383798	1382845	954	sp:ML08637_35	ML08637_35c	45.9	71.4	294	
1491	4975	1383930	1384085	156						
1492	4976	1384130	1385125	996	sp:GPDA_BACSU	Bacillus subtilis gpda	45.0	72.2	331	NAD(P)H-dependent dihydroxyacetone phosphate reductase
1493	4977	1385153	1386232	1080	sp:DDLA_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 ddaA	40.4	67.4	374	d-alanine-d-alanine ligase
1494	4978	1387270	1386293	978						
1495	4979	1387389	1388324	936	sp:THIL_ECOLI	Escherichia coli K12 thil	32.2	57.6	335	thiamin-phosphate kinase
1496	4980	1388312	1389073	762	sp:UNG_MOUSE	Mus musculus (Mouse) ung	38.8	59.6	245	uracil-DNA glycosylase precursor

【0303】

【表 79】

第 1-79 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1497	4981	1389208	1390788	1581	sp:Y369_MYCGE	Mycoplasma genitalium (SGC3) MG369	23.1	56.3	568	
1498	4982	1390796	1392916	2121	sp:REC6_ECOLI	Escherichia coli K12 rec6	35.4	60.0	693	ATP-dependent DNA helicase
1499	4983	1392939	1393151	213	BCCP_PROFR	Propionibacterium freudenreichii subsp. Shermanii	38.8	67.2	67	biotin carboxyl carrier protein
1500	4984	1393154	1393735	582	sp:YHHF_ECOLI	Escherichia coli K12 yhhf	37.1	63.5	167	
1501	4985	1393742	1394221	480	sp:KDTB_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 kdtB	42.6	78.7	155	lipopolysaccharide core biosynthesis protein
1502	4986	1395549	1394800	750	sp:GLNQ_BACST	Bacillus stearothermophilus	56.4	78.6	252	glutamine ABC transporter, ATP-
1503	4987	1394854	1395933	1080						
1504	4988	1396410	1395568	843	sp:NOCM_AGR15	Agrobacterium tumefaciens nocM	32.7	75.0	220	nopaline transport protein
1505	4989	1397421	1396561	861	sp:GLNH_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 glnH	27.4	59.0	234	Glutamine-binding protein precursor
1506	4990	1397662	1398468	807						
1507	4991	1399534	1398557	978	pir:H69160	Methanobacterium thermoautotrophicum MT465	28.6	60.3	322	
1508	4992	1400940	1400185	756	sp:VINT_BPL54	Bacteriophage L54a	26.9	52.5	223	phage integrase
1509	4993	1400926	1401333	408						
1510	4994	1401333	1402076	744						
1511	4995	1403135	1402995	141						
1512	4996	1403128	1403991	864						
1513	4997	1403997	1404215	219						
1514	4998	1404885	1404694	192	pir:S60890	C. glutamicum 1S3 related insertion	88.5	96.2	26	insertion element
1515	4999	1406174	1406320	855						
1516	5000	1406639	1406547	93						
1517	5001	1407535	1407167	369						
1518	5002	1409141	1409281	141						

【0304】



【表 80】

第 1-80 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1519	5003	1409802	1409428	375						
1520	5004	1411011	1410064	948						
1521	5005	1411424	1411119	306						
1522	5006	1412000	1411437	564						
1523	5007	1412351	1412572	222						
1524	5008	1412916	1412626	291						
1525	5009	1413701	1413549	153						
1526	5010	1413745	1416459	2715	sp:DP01_MYGTU	Mycobacterium tuberculosis polA	56.3	80.8	896	DNA polymerase I
1527	5011	1417883	1416462	1422	sp:CMCT_NOCIA	Streptomyces lactamurans cmcT	33.8	67.8	456	cephamycin export protein
1528	5012	1417962	1418870	909	gp:SCJ9A_15	Streptomyces coelicolor SCJ9A_15c	41.3	65.4	283	DNA-binding protein
1529	5013	1418876	1419748	873	sp:MORA_PSEPU	Pseudomonas putida	46.5	76.1	284	morphine 6-
1530	5014	1420036	1419878	159						
1531	5015	1420724	1420071	654	sp:YAFE_EC0LI	Streptomyces coelicolor SC7H2_13	31.9	58.3	163	
1532	5016	1421099	1422556	1458	sp:RS1_EC0LI	Escherichia coli K12 rpsA	39.5	71.4	451	30S ribosomal protein S1
1533	5017	1422571	1421096	1476						
1534	5018	1422872	1422988	117						
1535	5019	1423217	1425265	2049	gp: L18874	Corynebacterium glutamicum KCTC1445	100.0	100.0	683	phosphoenolpyruvate
1536	5020	1425279	1425878	600	YACE_BRELA	Brevibacterium lactofermentum ATCC 13869 yacE	80.5	93.9	195	
1537	5021	1426257	1427354	1098						
1538	5022	1427957	1427376	582						
1539	5023	1428049	1427804	246						
1540	5024	1429159	1428224	936	sp: LUNH_CRIFA	Crithidia fasciculata	43.1	74.8		inosine-uradine preferring nucleoside hypoxanthine
1541	5025	1428290	1429246	957						

【0305】

【表 81】

第 1-81 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1542	5026	1430642	1429194	1449	sp:OACA_STAAU	Staphylococcus aureus	23.6	53.8	517	antiseptic resistance protein
1543	5027	1431579	1430659	921	sp:RBSK_EC0L1	Escherichia coli K12 rbsK	35.5	67.6	293	Ribose kinase
1544	5028	1432612	1431575	1038	ASOG_EC0L1	Escherichia coli K12 ascG	30.0	65.6	337	cryptic asc operon repressor
1545	5029	1432750	1433547	798						
1546	5030	1434051	1433926	126						
1547	5031	1434105	1436201	2097	sp:UVRB_STRPN	Streptococcus pneumoniae plasmid	57.4	83.3	671	excinuclease ABC chain B
1548	5032	1436335	1436775	441	sp:Y531_METJA	Methanococcus jannaschii y531	33.6	59.2	152	
1549	5033	1437249	1436869	381	sp:YTFH_EC0L1	Escherichia coli K12 ytfH	38.8	80.2	121	
1550	5034	1437356	1438201	846	sp:YTFG_EC0L1	Escherichia coli K12 ytfG	53.8	77.1	279	
1551	5035	1440421	1440510	90						
1552	5036	1440560	1438212	2349	pir:H70040	Bacillus subtilis yvgS	23.2	47.2	839	
1553	5037	1441586	1440675	912	gpu:SC9H11_26	Streptomyces coelicolor A3(2)	32.7	68.0	150	
1554	5038	1442351	1442491	141						
1555	5039	1442392	1441793	600	sp:YCBL_EC0L1	Escherichia coli K12 ycbL	30.4	58.4	214	
1556	5040	1442487	1445333	2847	sp:UVRB_EC0L1	Escherichia coli K12 uvrA	56.2	80.6	952	Excinuclease abc subunit a
1557	5041	1447446	1445323	2124						
1558	5042	1447792	1448358	567						
1559	5043	1448390	1448581	192	sp:RL35_MYCFE	Mycoplasma fermentans	41.7	76.7	60	50S ribosomal protein
1560	5044	1448645	1449025	381	sp:RL20_PSESY	Pseudomonas syringae pv. syringae	75.0	92.7	117	50S ribosomal protein L20
1561	5045	1449940	1449119	822						
1562	5046	1450126	1450692	567						

【0306】

【表 82】

第 1-82 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1563	5047	1450918	1451820	903	sp:UGPA_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 ugpA	33.2	71.6	292	sn-glycerol-3-phosphate transport system permease protein
1564	5048	1451820	1452653	834	sp:UGPE_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 ugpE	33.3	70.4	270	sn-glycerol-3-phosphate transport system
1565	5049	1452758	1454071	1314	sp:UGPB_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 ugpB	26.6	57.6	436	sn-glycerol-3-phosphate transport system permease protein
1566	5050	1454115	1455338	1224	sp:UGPC_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 ugpC	44.0	71.3	393	sn-glycerol-3-phosphate transport ATP-binding protein
1567	5051	1456066	1455350	717	sp:GLPQ_BACSU	Bacillus subtilis glpQ	26.2	50.0	244	glycerophosphoryl diester
1568	5052	1456355	1456948	594	sp:TRNH_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 trnH_spoJ	34.0	71.2	153	tRNA (guanosine-2'-O)- methyltransferase
1569	5053	1457062	1457493	432	sp:SYFA_IHETH	Thermus aquaticus syfa	39.0	71.3	136	phenylalanine-tRNA ligase alpha chain
1570	5054	1457318	1458067	750						
1571	5055	1458134	1460617	2484	sp:SYFB_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 syfB	34.1	60.3	832	Phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain
1572	5056	1460771	1460887	117						
1573	5057	1461158	1462129	972	sp:ESTA_STRSC	Streptomyces scabies esta	26.5	55.1	363	esterase
1574	5058	1462135	1463517	1383	sp:MDMB_STRMY	Streptomyces mycarofaciens mdmB	30.0	56.3	423	macrolide 3-O- acyltransferase
1575	5059	1463534	1463935	402						
1576	5060	1464084	1465124	1041	gp:AF005242_1	Corynebacterium glutamicum AS019 argC	98.3	99.1	347	N-acetylglutamate-5- semialdehyde
1577	5061	1465211	1466374	1164	sp:ARGJ_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC13032	99.5	99.7	388	glutamate N- acetyltransferase
1578	5062	1466492	1467373	882	sp:ARGB_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC13032	99.7	100.0	294	acetylglutamate kinase
1579	5063	1467377	1468549	1173	sp:ARGD_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC13032	99.0	99.2	391	acetylornithine aminotransferase

【0307】

【表 8 3】

第 1-83 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7≧/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1580	5064	1468566	1469522	957	sp:OTCA_CORG_L	Corynebacterium glutamicum ATCC13032 otcA_arf	100.0	100.0	319	ornithine carbamoyltransferase
1581	5065	1469529	1470041	513	gp:AF041436_1	Corynebacterium glutamicum AS019 arfR	100.0	100.0	171	arginine repressor
1582	5066	1470212	1471414	1203	sp:ASSY_CORG_L	Corynebacterium glutamicum AS019 arfG	99.5	99.5	401	argininosuccinate synthetase
1583	5067	1471363	1470155	1209						
1584	5068	1471478	1472908	1431	gp:AF048764_1	Corynebacterium glutamicum AS019 arfH	83.3	90.0	478	argininosuccinate lyase
1585	5069	1472978	1474120	1143						
1586	5070	1474120	1475694	1575						
1587	5071	1475684	1476295	612						
1588	5072	1476344	1476520	177	sp:YCAR_EC0LI	Escherichia coli K12 ycar	48.0	72.0	50	
1589	5073	1476551	1477810	1260	sp:SYV1_BACSU	Bacillus subtilis syv1	48.4	79.6	417	Tyrosyl-tRNA synthase (tyrosine-tRNA ligase)
1590	5074	1478394	1477930	465	sp:Y531_METJA	Methanococcus jannaschii MJ0531	26.9	64.4	149	
1591	5075	1479337	1479242	96						
1592	5076	1480752	1480642	111						
1593	5077	1482633	1482379	255	gp:AE002057_8	Deinococcus radiodurans DR252	56.8	75.3	81	
1594	5078	1484676	1486028	1353	sp:IF2_BORBU	Borrelia burgdorferi IF2	36.3	67.0	182	translation initiation factor IF-2
1595	5079	1486043	1487026	984	sp:YZGD_BACSU	Bacillus subtilis yzgd	29.6	60.1	311	
1596	5080	1487033	1487194	162	sp:YQXC_BACSU	Bacillus subtilis yqxc	38.5	69.6	260	
1597	5081	1487239	1488057	819	sp:YFJB_HAEIN	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	31.6	31.6	225	
1598	5082	1488147	1489019	873	sp:YFJB_HAEIN	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	31.6	31.6	225	
1599	5083	1489104	1490882	1779	sp:REC_N_EC0LI	Escherichia coli K12 recN	31.4	63.4	574	DNA repair protein
1600	5084	1490945	1492135	1191	pir:H70502	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	41.9	73.1	394	

【0 3 0 8】

【表 84】

第 1-84 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1601	5085	1492148	1493110	963	pir:A70503	Mycobacterium tuberculosis H37RV	30.4	68.1	313	
1602	5086	1493514	1495175	1662	sp:PYRG_EC0L1	Escherichia coli K12	55.0	76.7	549	GTP synthase (UTP-- ammonia ligase)
1603	5087	1495206	1495862	657	sp:YKKG_BAGSU	Bacillus subtilis ykkg	36.3	71.3	157	
1604	5088	1495862	1496773	912	gp:AF093548_1	Staphylococcus aureus xerD	39.7	71.7	300	tyrosine recombinase
1605	5089	1498325	1496796	1530	sp:TLRC_STRFR	Streptomyces fradiae tlrC	30.5	59.7	551	tyrosin resistance ATP- binding protein
1606	5090	1498372	1498506	135						
1607	5091	1498864	1499646	783	gp:CCU87804_4	Caulobacter crescentus parA	44.6	73.6	258	chromosome partitioning protein
1608	5092	1499332	1500696	765	sp:YPIUG_BAGSU	Bacillus subtilis ypiug	28.3	64.5	251	
1609	5093	1501472	1500912	561						
1610	5094	1501711	1502577	867	gp:AF109156_1	thiosulfate sulfurtransferase tst	35.6	67.0	270	thiosulfate sulfurtransferase
1611	5095	1502635	1503177	543	sp:YPIUH_BAGSU	Bacillus subtilis ypiuh	33.1	65.7	172	
1612	5096	1503484	1504239	756	sp:RLUB_BAGSU	Bacillus subtilis rluB	45.9	72.5	229	ribosomal large subunit pseudouridine synthase
1613	5097	1504257	1504946	690	sp:KCY_BAGSU	Bacillus subtilis cmk	38.6	73.6	220	cytidylate kinase
1614	5098	1505018	1506574	1557	sp:YPHC_BAGSU	Bacillus subtilis yphC	42.8	74.0	435	GTP binding protein
1615	5099	1507328	1506663	666						
1616	5100	1507903	1507406	498						
1617	5101	1508730	1507918	813	sp:YX42_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	36.2	67.2	232	methyltransferase
1618	5102	1508814	1510367	1554	prf:2513302B	Corynebacterium striatum tetA	29.7	60.1	499	ABC transporter
1619	5103	1510367	1512133	1767	prf:2513302A	Corynebacterium striatum tetB	31.2	56.3	602	ABC transporter
1620	5104	1512190	1512978	789	sp:YGLE_EC0L1	Escherichia coli K12	39.7	73.2	257	gufA protein
1621	5105	1514528	1512981	1548	gp:AB029555_1	Bacillus subtilis ATCC 9372 nhaG	25.7	61.5	499	Na+/H+ antiporter
1622	5106	1514506	1514694	189						
1623	5107	1515160	1514975	186						

【0309】

【表 85】

第 1-85 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1624	5108	1515783	1515409	375	sp:YCHJ_EC0L1	Escherichia coli K12 6249#9_ychJ	36.9	57.7	130	
1625	5109	1515397	1515816	420						
1626	5110	1516963	1515800	1164	pir:G69334	Archaeoglobus fulgidus AF0675	25.2	63.8	210	2-hydroxy-6-oxohepta- 2,4-dienoate hydrolase
1627	5111	1517171	1519459	2289	sp:SECA_BAGSU	Bacillus subtilis secA	35.2	61.7	805	proprotein translocase SecA subunit
1628	5112	1519602	1520030	429	sp:AF173844_2	Mycobacterium smegmatis garA	75.8	93.2	132	signal transduction protein
1629	5113	1520191	1520946	756	sp:YODF_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	41.9	74.4	234	
1630	5114	1520958	1521590	633	sp:YODE_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	30.8	63.2	133	
1631	5115	1521772	1522344	573	sp:YODE_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	71.4	84.3	178	
1632	5116	1522942	1522433	510						
1633	5117	1524501	1523053	1449						
1634	5118	1525498	1524569	930						
1635	5119	1526535	1525474	1062	sp:YHDP_BAGSU	Bacillus subtilis yhdP	33.9	69.0	342	hemolysin
1636	5120	1527914	1526535	1380	sp:YHDI_BAGSU	Bacillus subtilis yhdT	31.4	65.5	65	hemolysin
1637	5121	1527969	1528187	219						
1638	5122	1529331	1527988	1344	sp:THERAGEN_1	Thermus thermophilus herA	41.2	69.5	374	heat resistant RNA dependent ATPase
1639	5123	1529487	1530221	735	sp:YD48_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	34.3	66.1	245	ABC transporter ATP- binding protein
1640	5124	1531817	1530342	1476	gsp:W27613	Brevibacterium flavum	99.0	99.2	492	6-phosphogluconate dehydrogenase
1641	5125	1531834	1532395	462	pir:G70664	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	39.7	67.8	121	thioesterase
1642	5126	1532323	1532997	675						
1643	5127	1533042	1533782	741	sp:NOD1_RHIS3	Rhizobium sp. N33 nodI	39.6	68.1	235	modulation ATP-binding protein I

【0310】

【表 86】

第 1-86 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1644	5128	1533782	1534522	741	pir:E70501	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1686c	43.1	76.3	232	transmembrane protein
1645	5129	1535402	1534530	873	sp:YFHH_EC0LI	Escherichia coli K12 phnE	26.7	63.9	277	phosphonates transport system permease protein
1646	5130	1536228	1535383	846	sp:PHNE_EC0LI	Escherichia coli K12 phnE	29.9	63.4	281	phosphonates transport system permease protein
1647	5131	1537031	1536228	804	sp:PHNE_EC0LI	Escherichia coli K12 phnE	27.2	62.3	268	phosphonates transport system permease protein
1648	5132	1537834	1537031	804	sp:PHNC_EC0LI	Escherichia coli K12 phnC	44.8	72.0	250	phosphonates transport ATP-binding protein
1649	5133	1538920	1537871	1050						
1650	5134	1538760	1538969	210						
1651	5135	1539665	1538964	702						
1652	5136	1541404	1539821	1584	sp:THID_SALTY	Salmonella typhimurium thiD	47.3	70.2	262	phosphomethylpyrimidine kinase
1653	5137	1542923	1542120	804	sp:THIM_SALTY	Salmonella typhimurium LT2 thiM	46.6	77.5	249	hydroxyethylthiazole kinase
1654	5138	1544555	1543155	1401	ep:CGL238250_1	Corynebacterium glutamicum ndh	100.0	100.0	467	NADH dehydrogenase
1655	5139	1544977	1546290	1314	pir:H70830	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	28.6	55.0	451	cyclopropane fatty acid synthase
1656	5140	1547693	1546308	1386	prf:22233398	Burkholderia cepacia Pc701 mopB	32.5	66.9	468	4-methyl-o- phthalate/phthalate permease
1657	5141	1548441	1547968	474	prf:21203528	Thermus flavus AT-62 gpt	36.5	59.0	156	purine phosphoribosyltransfera se
1658	5142	1548652	1549350	699	sp:YEBN_EC0LI	Escherichia coli K12	39.8	68.5	206	membrane protein
1659	5143	1549404	1550399	996	ep:AF178768_2	Sinorhizobium sp. As4 arsB	23.3	54.6	361	membrane subunit of arsenic oxanion- translocation pump
1660	5144	1550470	1550952	483						
1661	5145	1551546	1552238	693	ep:SC17_33	Streptomyces coelicolor A3(2)	62.2	83.8	222	
1662	5146	1552519	1553973	1455	ep:PSTR1ETC1_6	Pseudomonas sp. R9	51.8	83.6	469	sulfate permease

【0.311】

【表 87】

第 1-87 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7≡/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1663	5147	1554685	1554071	615						
1664	5148	1554829	1554734	96						
1665	5149	1554862	1555068	207						
1666	5150	1555080	1554892	189						
1667	5151	1555836	1555087	750						
1668	5152	1556377	1556772	396	pir:A70945	Mycobacterium tuberculosis H37RV	71.8	87.3	110	
1669	5153	1557824	1557015	810	prf:2317468A	Schizosaccharomyces pombe dpm1+	39.2	71.0	217	dolichol phosphate mannose synthase
1670	5154	1559494	1557860	1635	sp:LNT_EC0LI	Escherichia coli K12 Int	25.1	55.6	527	apolipoprotein N- acyltransferase
1671	5155	1560123	1560212	90						
1672	5156	1560238	1559498	741	gpc:AF188894.1	Candida albicans lip1	23.7	55.6	392	secretory lipase 1
1673	5157	1561661	1560438	1224	pir:C70764	Mycobacterium tuberculosis H37RV	31.3	56.7	291	precortin 2 methyltransferase
1674	5158	1561781	1562554	774	sp:C08L_PSEDE	Pseudomonas denitrificans SC510	32.4	60.8	411	precortin-6Y C5, 15- methyltransferase
1675	5159	1563803	1562526	1278						
1676	5160	1563873	1564238	366						
1677	5161	1564238	1564483	246						
1678	5162	1565303	1564566	738	sp:YY12_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	54.1	75.4	244	oxidoreductase
1679	5163	1566439	1565303	1137	gp:AF014460.1	Streptococcus mutans LT11 pep0	36.1	61.3	382	hydrolyzes X-Pro dipeptides
1680	5164	1566469	1567107	639						
1681	5165	1569904	1567118	2787	sp:MTR4_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YJL050W	26.5	55.7	1030	ATP-dependent RNA helicase
1682	5166	1570934	1569933	1002	sp:TATC_EC0LI	Escherichia coli K12 tatC	28.7	62.7	268	SEC-independent protein translocase protein
1683	5167	1571383	1571069	315	sp:YY34_MYCLE	Mycobacterium leprae ML052533.27	44.7	69.4	85	secreted protein
1684	5168	1572487	1571507	981	sp:YY35_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2095c	31.9	61.2	317	

【0312】



【表 88】

第 1-88 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1685	5169	1573458	1572493	966	sp:Y36_MYCLE	Mycobacterium leprae ML082533.25	32.4	64.8	324	
1686	5170	1574916	1573492	1425	sp:Y37_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2097c	53.1	77.3	467	
1687	5171	1575137	1574946	192	pir:B70512	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2111c	54.1	80.3	61	
1688	5172	1574958	1575206	249						
1689	5173	1576948	1575407	1542	pir:C70512	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2112c	48.6	74.2	516	
1690	5174	1578532	1576952	1581	prf:24223820	Rhodococcus erythropolis arc	51.6	78.5	545	AAA ATPase
1691	5175	1579401	1578568	834	pir:S72844	Mycobacterium leprae pint	57.3	79.0	281	protein-beta-aspartate methyltransferase
1692	5176	1580772	1579450	1323	gp:AF005050.1	Homo sapiens	38.1	67.2	436	aspartyl aminopeptidase
1693	5177	1580808	1581641	834	pir:B70513	Mycobacterium tuberculosis H37RV	45.4	71.4	269	
1694	5178	1581852	1582115	264	sp:VAP1_BACNO	Dichelobacter nodosus A198 vap1	40.6	72.5	69	virulence-associated protein 1
1695	5179	1582256	1582134	123						
1696	5180	1583482	1582274	1209	prf:2513299A	Staphylococcus aureus norA23	21.8	61.0	385	quinolon resistance protein
1697	5181	1585491	1583914	1578	sp:ASPA_CORGL	Corynebacterium glutamicum MJ233 aspA	99.8	99.8	526	aspartate ammonia-lyase
1698	5182	1586446	1585604	843	gp:AF050166.1	Corynebacterium glutamicum hisG	96.8	97.5	281	ATP phosphoribosyltransfera
1699	5183	1586726	1586466	261	gp:AF086704.1	Corynebacterium glutamicum hisE	98.9	100.0	87	phosphoribosyl-ATP- pyrophosphohydrolase
1700	5184	1587505	1586813	693	pir:H72277	Thermotoga maritima MS88 TM1254	30.8	63.1	195	beta-phosphoglucomutase

【0313】

【表 89】

第 1-89 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1701	5185	1591236	1597574	3663	sp:METH_EC0LI	Escherichia coli K12 meth	31.6	62.4	1254	5-methyltetrahydrofolate-homocysteine
1702	5186	1591344	1591913	570						
1703	5187	1592967	1591942	1026	sp:AHFP_XANCH	Xanthomonas campestris ahpF	22.4	49.5	366	alkyl hydroperoxide reductase subunit F
1704	5188	1593338	1594513	1176	sp:ACR3_YEAST	Saccharomyces cerevisiae S288C	33.0	63.9	388	arsenical-resistance protein
1705	5189	1594533	1594952	420	sp:ARSC_STAAU	Staphylococcus aureus plasmid p1258 arsC	32.6	64.3	129	arsenate reductase
1706	5190	1595031	1595669	639	pir:G70964	Mycobacterium tuberculosis H37RV	47.2	75.6	123	arsenate reductase
1707	5191	1596222	1595845	378						
1708	5192	1597461	1596250	1212	sp:SYC_EC0LI	Escherichia coli K12	35.9	64.3	387	Cysteine-tRNA
1709	5193	1598624	1597746	879	sp:BACA_EC0LI	Escherichia coli K12 bacA	37.3	69.4	255	bacitracin resistance protein
1710	5194	1598668	1599615	948	prf:2214302F	Agrobacterium tumefaciens moca	33.4	62.6	326	oxido-reductase
1711	5195	1599680	1600678	999	pir:F70577	Mycobacterium tuberculosis H37RV	27.0	53.5	359	lipoprotein
1712	5196	1600693	1601805	1113	sp:PYRD_AGRAE	Agrocye aegerita. ura1	44.0	67.1	334	dihydroorotate dehydrogenase
1713	5197	1602282	1601932	351						
1714	5198	1602661	1603467	807	gp:PSESTBCBAD	Pseudomonas syringae	34.7	55.3	360	transposase
1715	5199	1603521	1604630	1110						
1716	5200	1605316	1604831	486	sp:YBHB_EC0LI	Escherichia coli K12	44.1	75.0	152	
1717	5201	1605812	1605282	531	prf:2513302A	Corynebacterium striatum MS28 tetB	43.6	68.7	597	ABC transporter
1718	5202	1607658	1605862	1797	prf:2513302B	Corynebacterium striatum MS28 tetA	36.8	67.1	535	ABC transporter
1719	5203	1609248	1607662	1587						
1720	5204	1609088	1609336	249	pir:JU0052	Streptomyces anulatus pac	32.4	56.4	56	puromycin N-acetyltransferase
1721	5205	1610237	1610845	609						

【0314】

【表 90】

第 1-90 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1722	5206	1611064	1610957	108						
1723	5207	1612239	1611151	1089	sp:ARGK_ECOLI	Escherichia coli K12 argK	43.1	72.3	339	LAO/AO transport system kinase
1724	5208	1614445	1612235	2211	sp:MYTB_STRCM	Streptomyces cinnamomensis A3823.5 mutB	72.2	87.5	741	methylmalonyl-CoA mutase alpha subunit
1725	5209	1616299	1614452	1848	sp:MYTA_STRCM	Streptomyces cinnamomensis A3823.5 mutA	41.6	68.2	610	methylmalonyl-CoA mutase beta subunit
1726	5210	1616579	1617301	723	sp:YS13_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	39.7	70.1	224	membrane proteins
1727	5211	1617399	1617995	597		Rv1491c				
1728	5212	1619617	1618322	1296	sp:YS09_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	64.1	87.0	370	membrane proteins
1729	5213	1620107	1619673	435	pir:B70711	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1487	44.7	78.7	141	
1730	5214	1621010	1620168	843	gp:SCC77_24	Streptomyces coelicolor A3(2)	51.0	72.8	261	
1731	5215	1621057	1621839	783						
1732	5216	1622951	1621842	1110	sp:HEMZ_PROFR	Propionibacterium freudenreichii shermanii hemH	36.8	65.7	364	ferrochelatase
1733	5217	1624827	1623028	1800	sp:P54_ENTFC	Streptococcus faecium	25.5	56.5	611	P54 protein
1734	5218	1625159	1625064	96						
1735	5219	1625926	1625429	498						
1736	5220	1626280	1629108	2829	pir:F70873	Mycobacterium tuberculosis H37RV acn	69.9	85.9	959	aconitate hydratase
1737	5221	1629299	1629862	564	pir:E70873	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1474c	54.6	81.6	174	transcription regulator
1738	5222	1629914	1630669	756	pir:F64496	Methanococcus jannaschii MJ1575	21.3	51.9	235	GMP synthetase

【0315】

【表 91】

第 1-91 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1739	5223	1631330	1630668	663	gpu:SCD82_4	Streptomyces coelicolor A3(2)	32.6	62.0	221	
1740	5224	1631746	1631354	393						
1741	5225	1631661	1631927	267	pir:E64494	Methanococcus jannaschii MJ1558	37.2	80.2	86	
1742	5226	1631934	1633325	1392	gpu:AE002515_9	Neisseria meningitidis MC58 NMB1652	61.2	86.1	446	
1743	5227	1633567	1636242	2676	sp:ATA1_SYNY3	Synechocystis sp. PCC 6803 SLL1614_pma1	42.6	73.2	883	cation-transporting ATPase
1744	5228	1636733	1636245	489	gpu:SCD11_2	Streptomyces coelicolor A3(2)	35.8	58.3	120	
1745	5229	1638083	1638193	111						
1746	5230	1637082	1638443	1362						
1747	5231	1638696	1638421	276						
1748	5232	1639366	1639521	156						
1749	5233	1639657	1639818	162						
1750	5234	1639782	1640156	375	prf:2408488H	Streptococcus thermophilus phage TP-	43.0	73.8	107	host cell surface- exposed lipoprotein
1751	5235	1640547	1641002	456	prf:2510491A	Corynebacterium 304L int	34.4	60.4	154	integrase
1752	5236	1642675	1641047	1629	sp:YJJK_ECOLI	Escherichia coli K12 YJJK	32.8	64.4	497	ABC transporter ATP- binding protein
1753	5237	1644219	1642744	1476						
1754	5238	1645500	1644319	1182	sp:NAHV_MICVI	Micromonospora viridifaciens ATCC 31146 neda	51.9	72.4	387	sialidase
1755	5239	1645662	1646369	708	gp:AF121000_8	Corynebacterium glutamicum 22243 tnpB	99.6	100.0	236	IS1628 transposase
1756	5240	1646550	1647134	585						
1757	5241	1647635	1647213	423	pir:B75015	Pyrococcus abyssi Orsay PAB1087	32.7	70.1	107	ddp-4-keto-l-rhamnose reductase related
1758	5242	1648098	1647652	447	pir:S72754	Mycobacterium leprae MCL536_24c_nifU7	63.8	85.2	149	nitrogen fixation protein
1759	5243	1649363	1648101	1263	pir:S72761	Mycobacterium leprae	64.7	84.4	411	nitrogen fixation

【0316】

【表 92】

第 1-92 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1760	5244	1650123	1649368	756	gp:SCC22_4	Streptomyces coelicolor A3(2)	70.2	89.3	252	ABC transporter ATP- binding subunit
1761	5245	1651425	1650250	1176	pir:A70872	Mycobacterium tuberculosis H37RV	55.2	83.0	377	
1762	5246	1652876	1651434	1443	sp:Y074_S1WY3	Synechocystis sp. PCC 6803 SLR0074	41.0	73.0	493	ABC transporter subunit
1763	5247	1653587	1652895	693	gp:SCC22_8	Streptomyces coelicolor A3(2)	46.1	71.4	217	DNA-binding protein
1764	5248	1654044	1655672	1629	pir:F70871	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1459c	36.3	67.8	518	membrane protein
1765	5249	1655682	1656701	1020	pir:S72783	Mycobacterium leprae MLC1536_31_abc2	50.2	77.3	317	ABC-type transport protein
1766	5250	1656713	1657516	804	pir:S72778	Mycobacterium leprae MLC1536_32	41.0	74.8	265	membrane protein
1767	5251	1657678	1658676	999	pir:C70871	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1456c	43.0	74.6	291	membrane protein
1768	5252	1659509	1661137	1629	pir:C71156	Pyrococcus horikoshii PH0450	23.4	51.0	418	helicase protein
1769	5253	1661579	1662553	975	sp:QOR_EC01	Escherichia coli K12	37.5	70.9	323	quinone oxidoreductase
1770	5254	1663599	1662631	969	gp:NWC0XABC_3	Nitrobacter winogradskyi coxG	37.6	66.8	295	heme O synthase
1771	5255	1664476	1666503	2028	gp:AB023377_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 31833	99.9	100.0	675	transketolase
1772	5256	1666674	1667753	1080	sp:TAL_MYCLE	Mycobacterium leprae MLC1536_39_tal	62.0	85.2	358	transaldolase
1773	5257	1667765	1666602	1164						
1774	5258	1667951	1669402	1452	gsp:W27612	Brevibacterium flavum	99.8	100.0	484	glucose-6-phosphate dehydrogenase
1775	5259	1669420	1670376	957	pir:A70917	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv146c_opcA	40.6	71.7	318	oxopropylate protein

【0317】

【表 93】

第 1-93 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1776	5260	1670396	1671100	705	sp: SOL3_YEAST	Saccharomyces cerevisiae S288C	28.7	58.1	258	6-phosphogluconolactonase
1777	5261	1671678	1671274	405	sp: SADX_BACSN	Bacillus sp. NS-129	35.2	57.8	128	sarcosine oxidase
1778	5262	1671724	1673124	1401	gp: AF126281_1	Rhodococcus	24.6	46.6	500	transposase
1779	5263	1674106	1673267	840	gp: CGL007732_5	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032	100.0	100.0	205	sarcosine oxidase
1780	5264	1675209	1674124	1086	gp: CGL007732_4	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032	100.0	100.0	362	ornithine-cyclodecarboxylase
1781	5265	1676624	1675269	1356	sp: AMT_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032	100.0	100.0	452	methyl ammonium uptake carrier
1782	5266	1677280	1677050	231	gp: CGL007732_2	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032	100.0	100.0	77	protein-export membrane protein
1783	5267	1677212	1677385	174		sec6				
1784	5268	1680144	1677388	2757	prf: 1509267A	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032	100.0	100.0	919	phosphoenolpyruvate carboxylase
1785	5269	1680183	1680302	120						
1786	5270	1681109	1680333	777	sp: TPIS_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13059	99.2	99.6	259	triose-phosphate isomerase
1787	5271	1682405	1681191	1215	sp: PGK_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13059	98.0	98.5	405	phosphoglycerate kinase
1788	5272	1683626	1682625	1002	sp: G3P_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13059	99.1	99.7	333	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase
1789	5273	1685098	1684118	981	pir: D70903	Mycobacterium tuberculosis H37RV	63.9	87.4	324	transcriptional regulator
1790	5274	1686133	1685111	1023	sp: YR40_MYGTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	56.3	82.5	309	
1791	5275	1687079	1686153	927	p: YR39_MYGTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	52.0	76.2	281	
1792	5276	1689191	1687104	2088	sp: UVRC_PSEFL	Synechocystis sp. PCC 6803 uvrC	34.4	61.5	701	exonuclease ABC subunit C

【0318】

【表 9 4】

第 1-94 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1793	5277	1699780	1699202	579	sp:YR35_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	32.7	68.7	150	
1794	5278	1690346	1699870	477	sp:R1S8_ECOLI	Escherichia coli K12	43.5	72.1	154	6,7-dimethyl-8- ribitylumazine
1795	5279	1691626	1690361	1266	gp:AF001929_1	Mycobacterium tuberculosis ribA	65.6	84.7	404	riboflavin synthesis
1796	5280	1692272	1691640	633	sp:R1SA_ACTPL	Actinobacillus pleuropneumoniae ISU- 178 ribE	47.4	79.2	211	riboflavin synthase alpha chain
1797	5281	1693259	1692276	984	sp:R1BD_ECOLI	Escherichia coli K12 ribD	37.3	62.7	365	riboflavin-specific deaminase
1798	5282	1693919	1693263	657	sp:RPE_YEAST	Saccharomyces cerevisiae S288C	43.6	73.1	234	ribulose-phosphate 3- epimerase
1799	5283	1695299	1693968	1332	sp:SUN_ECOLI	Escherichia coli K12	30.8	60.7	448	16S RNA
1800	5284	1696444	1695500	945	sp:FMT_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa fmt	41.6	67.9	308	methionyl-tRNA formyltransferase
1801	5285	1696973	1696467	507	sp:DEF_BAGSU	Bacillus subtilis	44.7	72.7	150	polypeptide deformylase
1802	5286	1699148	1697085	2064	sp:PRIA_ECOLI	Escherichia coli priA	22.9	46.3	725	primosomal protein n
1803	5287	1700398	1699178	1221	gsp:R80060	Bravibacterium flavum MJ-233	99.3	99.5	407	S-adenosylmethionine synthetase
1804	5288	1701768	1700509	1260	sp:DPP_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV1391_dfp	58.0	80.9	409	DNA/pantothenate metabolism flavoprotein
1805	5289	1702323	1702033	291	sp:YR07_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	70.4	87.7	81	
1806	5290	1702963	1702412	552	pir:K1BY6U	Saccharomyces cerevisiae guk1	39.8	74.7	186	guanylate kinase
1807	5291	1703309	1702992	318	pir:B70899	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV1388_mIHf	80.6	90.3	103	integration host factor
1808	5292	1704351	1703518	834	sp:DCOP_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	51.8	73.6	276	orotidine-5'-phosphate decarboxylase
1809	5293	1707698	1704360	3339	pir:SYECCP	Escherichia coli carB	53.1	77.5	1122	carbamoyl-phosphate synthase

【0 3 1 9】

【表 95】

第 1-95 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1810	5294	1708885	1707707	1179	sp:CAPA_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa ATCC 15692 carA	45.4	70.1	381	carbamoyl-phosphate synthetase small chain
1811	5295	1710358	1709018	1341	sp:PYRC_BACCL	Bacillus caldolyticus DSM 405 pyrC	42.8	67.7	402	dihydroorotase
1812	5296	1711349	1710414	936	sp:PYRB_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa ATCC 15692	48.6	79.7	311	aspartate carbamoyltransferase
1813	5297	1711928	1711353	576	sp:PYRR_BACCL	Bacillus caldolyticus DSM 405 pyrR	54.0	80.1	176	pyrimidine operon regulatory protein
1814	5298	1712037	1712126	90						
1815	5299	1712597	1713760	1164	sp:Y00R_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	39.7	73.4	297	cell division inhibitor
1816	5300	1713852	1713763	90						
1817	5301	1713831	1714307	477						
1818	5302	1714300	1714761	462						
1819	5303	1714742	1714951	210						
1820	5304	1716063	1715383	681	sp:NUSB_BACSU	Bacillus subtilis nusB	33.6	69.3	137	N utilization substance protein B
1821	5305	1716693	1716133	561	sp:EPF_BRELA	Brevibacterium lactofermentum ATCC 13869 efp	97.9	98.4	187	elongation factor P
1822	5306	1717869	1716781	1089	gp:AF124600_4	Corynebacterium glutamicum AS019 pepQ	99.5	100.0	217	cytoplasmic peptidase
1823	5307	1719033	1717939	1095	gp:AF124600_3	Corynebacterium glutamicum AS019 aroB	98.6	99.7	361	3-dehydroquinate synthase
1824	5308	1719662	1719108	555	gp:AF124600_2	Corynebacterium glutamicum AS019 aroK	100.0	100.0	166	shikimate kinase
1825	5309	1720899	1719670	1230	gp:AF124600_1	Corynebacterium glutamicum AS019 aroC	100.0	100.0	410	chorismate synthase
1826	5310	1721382	1720972	411	sp:LEP3_AERHY	Aeromonas hydrophila tapQ	35.2	54.9	142	type IV prepilin-like protein specific leader peptidase
1827	5311	1721726	1721424	303	gp:SC1A2_22	Streptomyces coelicolor A3(2)	45.8	68.7	83	ArsR-family transcriptional

【0320】



【表 96】

第 1-96 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/碱)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1828	5312	1721781	1722854	1074	gp:AF109162_2	<i>Corynebacterium diphtheriae</i> HmuJ	35.9	73.2	340	ABC-type transporter permease
1829	5313	1722871	1723827	957	pir:A75169	<i>Pyrococcus abyssi</i> Orsay PA80349	23.6	50.7	373	iron (III) ABC transporter, periplasmic-binding
1830	5314	1723827	1724579	753	sp:FHUC_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> fhuC	38.3	71.7	230	ferrichrome transport ATP-binding protein
1831	5315	1725440	1724613	828	sp:AR01_YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> S288C	33.0	64.6	285	pentafunctional arom polypeptide
1832	5316	1726626	1725460	1167	pir:E70660	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV Rv253c	41.8	70.1	395	aminodeoxychorismate lyase
1833	5317	1727171	1726626	546	pir:F70660	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV Rv254c	52.8	69.6	161	GMP-2-keto-3-deoxyoctulosonic acid synthetase
1834	5318	1730049	1727386	2664	sp:SYA_THIFE	<i>Thiobacillus ferrooxidans</i> ATCC	43.3	71.8	894	alanine-tRNA synthetase
1835	5319	1731543	1730167	1377	sp:Y0A9_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV Rv2559c	65.4	84.8	454	
1836	5320	1732823	1731600	1224		<i>Mycobacterium leprae</i>	71.1	89.2	591	Aspartyl-tRNA
1837	5321	1734812	1732989	1824	sp:SYD_MYCLE	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV	46.1	74.1	297	
1838	5322	1735057	1735947	891	sp:Y0BQ_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV	26.1	53.6	839	glucan 1,4-alpha-glucosidase
1839	5323	1738680	1736005	2676	sp:AMVH_YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> S288C etal	23.1	54.0	742	phage infection protein
1840	5324	1740570	1738714	1857	sp:YHGE_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> yhgE				
1841	5325	1741220	1740573	648						
1842	5326	1741314	1741907	594	gp:SCE68_13	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	29.2	62.0	192	transcriptional regulator
1843	5327	1741894	1742607	714						
1844	5328	1742702	1743814	1113	gp:SCE15_13	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	72.8	89.1	371	oxidoreductase
1845	5329	1743844	1743969	126						

【0321】

【表 9 7】

第 1-97 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1846	5330	1744026	1744520	495	sp:SLFA_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa PA01 sIFA	37.1	77.6	116	NADH-dependent FMN reductase
1847	5331	1744885	1746231	1347	sp:SDHL_ECOLI	Escherichia coli K12	46.8	71.4	462	L-serine dehydratase
1848	5332	1747919	1746234	1686	prf:2423362A	Enterococcus casseliflavus glpD	28.4	53.9	598	alpha-glycerolphosphate oxidase
1849	5333	1749277	1747991	1287	sp:SYH_STAAU	Staphylococcus aureus SR17238 hisS	43.2	72.2	421	Histidyl-tRNA synthetase
1850	5334	1749964	1749326	639	gp:CJ11168X3_1 27	Campylobacter jejuni NCTC11168 Cj0809c	40.3	62.1	211	hydrolase
1851	5335	1750428	1750934	507	prf:2313309A	Streptomyces chrysomallus scyppB	35.4	61.1	175	cyclophilin
1852	5336	1750965	1751201	237						
1853	5337	1751498	1752052	555	gp:AF038651_4	Corynebacterium glutamicum ORF4	98.4	100.0	128	
1854	5338	1752187	1752528	342						
1855	5339	1754895	1752616	2280	prf:2420417A	Corynebacterium glutamicum ORF4	99.9	99.9	760	GTP pyrophosphokinase
1856	5340	1755480	1754926	555	gp:AF038651_2	Corynebacterium glutamicum apt	99.5	100.0	185	adenine phosphoribosyltransferase
1857	5341	1757229	1755487	1743	sp:Y086_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H3TRV Rv2585c	30.7	60.9	558	
1858	5342	1758798	1757590	1209	sp:SECF_ECOLI	Escherichia coli K12 secf	25.9	57.2	332	protein-export membrane protein
1859	5343	1760735	1758804	1932	prf:2313285A	Rhodobacter capsulatus secd	24.4	52.0	616	protein-export membrane protein
1860	5344	1760872	1760729	144						
1861	5345	1761368	1761006	363	sp:Y08D_MYCLE	Mycobacterium leprae ML081259_04	39.6	66.0	106	secreted protein
1862	5346	1762499	1761420	1080	sp:RUVB_ECOLI	Escherichia coli K12 ruvB	55.3	81.9	331	Holliday junction DNA helicase
1863	5347	1763135	1762518	618	sp:RUVA_MYCLE	Mycobacterium leprae ruvA	45.2	74.3	210	Holliday junction DNA helicase

【0 3 2 2】

【表 98】

第 1-98 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1864	5348	1763840	1763178	663	sp:RUVC_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 ruvC	35.6	63.3	180	crossover junction endonuclease
1865	5349	1764743	1763991	753	sp:YEBG_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 ORF246_yebG	49.2	78.4	250	
1866	5350	1765861	1765016	846	sp:TESB_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12	38.5	68.6	283	acyl-CoA thioesterase
1867	5351	1765970	1766443	474	sp:SC10A5_9	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	31.5	61.3	111	export protein
1868	5352	1766949	1766488	462	pir:H70570	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV Rv2609c	38.2	61.2	170	
1869	5353	1768031	1766949	1083	sp:GPI3_YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> S288C spt14	21.7	49.3	414	N-acetylglucosaminyl- phosphatidylinositol biosynthetic protein
1870	5354	1768997	1768035	963	sp:SL2_16	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	46.4	67.8	295	acyltransferase
1871	5355	1769679	1769023	657	pir:C70571	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV Rv2612c_pgS	48.2	78.0	78	GDP-diacylglycerol- glycerol-3-phosphate phosphatidyltransferase
1872	5356	1770341	1769682	660	pir:D70571	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37RV Rv2613c	54.6	78.4	194	histidine triad (HIT) family protein
1873	5357	1772385	1770328	2058	sp:SYT2_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> thrZ	42.0	68.9	647	threonyl-tRNA
1874	5358	1773864	1772659	1206	sp:YWHN_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> ywhN	34.3	61.8	400	
1875	5359	1773882	1774445	564						
1876	5360	1774439	1773894	546						
1877	5361	1775192	1774458	735						
1878	5362	1775940	1775851	90						
1879	5363	1777105	1777203	99						
1880	5364	1779509	1778103	1407						
1881	5365	1780169	1779555	615						
1882	5366	1780906	1780508	399						
1883	5367	1781586	1781020	567	sp:PUAC_STRLP	<i>Streptomyces anulatus</i> pac	36.3	64.2	190	puromycin N- acetyltransferase
1884	5368	1781706	1782791	1086						

【0323】

【表 99】

第 1-99 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1885	5369	1785474	1782895	2580	pir:T13990	Drosophila melanogaster colA2	24.5	43.3	852	collagen type IV alpha 2
1886	5370	1786845	1785733	1113						
1887	5371	1788830	1786908	1923						
1888	5372	1789081	1789563	483						
1889	5373	1789581	1789769	189						
1890	5374	1789747	1790058	312						
1891	5375	1790890	1790462	429						
1892	5376	1790957	1790835	123						
1893	5377	1791843	1792439	597	sp:AFU0_ACTPL	Actinobacillus pleuropneumoniae afu0	28.7	28.7	202	Ferric transport ATP- binding protein
1894	5378	1792429	1793427	999						
1895	5379	1793655	1793497	159						
1896	5380	1793715	1794821	1107						
1897	5381	1795188	1795072	117						
1898	5382	1796187	1797050	864						
1899	5383	1797351	1797770	420						
1900	5384	1797970	1797851	120						
1901	5385	1798758	1798024	735						
1902	5386	1798646	1798777	132						
1903	5387	1799183	1799407	225						
1904	5388	1799474	1800367	894						
1905	5389	1800605	1800450	156						
1906	5390	1800631	1800759	129						
1907	5391	1800835	1801308	474						
1908	5392	1801345	1802097	753						
1909	5393	1802578	1802156	423						
1910	5394	1802734	1803420	687						
1911	5395	1803466	1803894	429						
1912	5396	1804135	1804599	465						
1913	5397	1804630	1804866	237						
1914	5398	1804920	1805600	681						
1915	5399	1805728	1806687	960						
1916	5400	1806748	1806900	153						

【0324】

【表100】

第1-100表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1917	5401	1806918	1807397	480						
1918	5402	1807434	1808114	681						
1919	5403	1808138	1808422	285						
1920	5404	1808422	1808547	126						
1921	5405	1808459	1808833	375						
1922	5406	1809762	1810373	612	sp:TNP2_ECOLI	Escherichia coli tnpR	51.1	78.0	186	transposon TN21
1923	5407	1810542	1811546	1005						
1924	5408	1811565	1811939	375						
1925	5409	1812216	1812692	477	sp:PVH1_YEAST	Saccharomyces cerevisiae S288C	29.3	51.8	164	protein-tyrosine phosphatase
1926	5410	1812883	1812461	423						
1927	5411	1812882	1813607	726						
1928	5412	1813781	1814518	738	sp:SCA32WHIH_6	Streptomyces coelicolor A3(2) whiH	34.3	65.7	216	sporulation transcription factor
1929	5413	1814864	1815652	789						
1930	5414	1815674	1816129	456						
1931	5415	1816452	1816637	186						
1932	5416	1817133	1817804	672						
1933	5417	1817804	1818220	417						
1934	5418	1818799	1819167	369						
1935	5419	1819650	1819760	111						
1936	5420	1819955	1819749	207						
1937	5421	1822383	1820182	2202	pir:G72285	Thermotoga maritima MS88 TM1189	22.6	55.2	545	
1938	5422	1822578	1824323	1746						
1939	5423	1824372	1824590	219						
1940	5424	1824785	1824928	144						
1941	5425	1825607	1825179	429						
1942	5426	1826645	1825752	894	pir:S60890	Corynebacterium glutamicum	87.9	95.6	298	IS3 related insertion element
1943	5427	1826938	1826645	294	pir:S60889	Corynebacterium glutamicum	72.3	84.2	101	IS3 related insertion element
1944	5428	1826928	1827035	108						
1945	5429	1826932	1827045	114						

【0325】

【表 101】

第 1-101 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1946	5430	1827172	1827264	93						
1947	5431	1829901	1829989	213						
1948	5432	1830766	1832064	1299						
1949	5433	1832168	1834045	1878	sp:RECJ_ERWCH	Erwinia chrysanthemi recJ	24.0	50.6	622	single-stranded-DNA- specific exonuclease
1950	5434	1834929	1834150	780						
1951	5435	1836676	1838325	1650	pir:T13302	Streptococcus phage phi-01205 ORF13	31.8	64.3	381	primase
1952	5436	1838350	1842138	3789						
1953	5437	1842236	1842682	447						
1954	5438	1842693	1842565	129						
1955	5439	1842805	1843338	534						
1956	5440	1843519	1845357	1839	sp:Y018_MYCPN	Mycoplasma pneumoniae ATCC 29342 Y695	22.1	44.7	620	helicase
1957	5441	1845484	1845858	375						
1958	5442	1845873	1846208	336	pir:T13144	Bacteriophage N15	36.7	64.2	109	gp57
1959	5443	1846699	1846334	366						
1960	5444	1847316	1847933	618						
1961	5445	1847939	1848475	537						
1962	5446	1848510	1849037	528						
1963	5447	1848989	1849786	798						
1964	5448	1849782	1849967	186						
1965	5449	1850036	1850407	372						
1966	5450	1850416	1849979	438						
1967	5451	1851050	1850475	576						
1968	5452	1851221	1852441	1221	gpu:SPAPJ760_2	Schizosaccharomyces pombe SPAPJ760_02c	28.7	49.8	422	actin binding protein with SH3 domains
1969	5453	1852480	1853874	1395						
1970	5454	1853989	1854120	132						
1971	5455	1854262	1854855	594						
1972	5456	1855059	1855238	180						
1973	5457	1855319	1855200	120						
1974	5458	1855533	1856789	1257	gp:SC5C7_14	Streptomyces coelicolor cosmid 5C7	23.6	52.5	347	ATP/GTP binding protein

【0326】

【表102】

第1-102表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7±/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1975	5459	1856886	1858739	1854						
1976	5460	1858764	1860728	1965	sp:CLPA_ECOLI	Escherichia coli K12 c1pA	30.2	61.0	630	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit
1977	5461	1860753	1861226	474						
1978	5462	1861321	1861476	156						
1979	5463	1862946	1865300	2355	sp:PCRA_STAU	Staphylococcus aureus SA20 pcrA	21.4	45.9	693	ATP-dependent helicase
1980	5464	1865266	1865823	558						
1981	5465	1865843	1866220	378						
1982	5466	1866329	1866793	465						
1983	5467	1866833	1867096	264						
1984	5468	1867099	1867875	777	ep:SCH17_7	Streptomyces coelicolor A3(2)	25.9	47.8	224	
1985	5469	1867887	1868588	702	prf:2514444Y	Bacteriophage phi-C31 gp52	31.7	61.5	208	deoxynucleotide monophosphate kinase
1986	5470	1868896	1868672	225						
1987	5471	1871093	1868928	2166						
1988	5472	1871374	1871102	273						
1989	5473	1877887	1871381	6507						
1990	5474	1878313	1879401	1089	prf:2403350A	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 cg111	99.2	99.7	363	type II 5-cytosine methyltransferase
1991	5475	1879413	1880486	1074	pir:A55225	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 cg11R	99.7	99.7	358	type II restriction endonuclease
1992	5476	1880491	1882386	1896	pir:B55225	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 cg11R	99.8	100.0	632	restriction endonuclease
1993	5477	1883991	1882471	1521						
1994	5478	1884876	1884983	108						
1995	5479	1884937	1884221	717						
1996	5480	1885231	1887048	1818	ep:SC1A2_16	Streptomyces coelicolor A3(2)	24.6	45.8	504	

【0327】

【表 103】

第 1-103 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1997	5481	1887406	1887591	186						
1998	5482	1888039	1887689	351	ap:AE001973_4	Deinococcus radiodurans DR1258	46.7	70.0	90	SNF2/Rad54 helicase- related protein
1999	5483	1889095	1888232	864	pir:T13226	Lactobacillus phage phi-gle Rorf232	33.1	56.4	163	
2000	5484	1891708	1890029	1680	ap:AF188935_16	Bacillus anthracis pX02-16	20.7	47.9	537	
2001	5485	1893038	1891833	1206						
2002	5486	1894681	1893389	1293						
2003	5487	1897232	1894740	2493						
2004	5488	1899024	1897375	1650	sp:CLPB_ECOLI	Escherichia coli clpB	25.3	52.5	724	endopeptidase Clp ATP- binding chain B
2005	5489	1899854	1899234	621						
2006	5490	1900917	1899805	1113						
2007	5491	1901912	1901067	846						
2008	5492	1901984	1902130	147						
2009	5493	1902884	1902006	879						
2010	5494	1901976	1902956	981						
2011	5495	1903029	1903226	198						
2012	5496	1905879	1903114	2766	pir:S23647	Homo sapiens numA	20.1	49.1	1004	nuclear mitotic apparatus protein
2013	5497	1906573	1905974	600						
2014	5498	1907915	1906665	1251						
2015	5499	1908661	1907966	696						
2016	5500	1909499	1908786	714						
2017	5501	1910509	1909502	1008						
2018	5502	1912301	1910643	1659						
2019	5503	1913821	1912334	1488						
2020	5504	1914372	1913974	399						
2021	5505	1916234	1914726	1509						
2022	5506	1916375	1916734	360						
2023	5507	1916945	1917166	222						
2024	5508	1918697	1918590	108						
2025	5509	1919462	1918704	759						

【0328】



【表 104】

第 1-104 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2026	5510	1920195	1919647	549						
2027	5511	1921277	1920348	930						
2028	5512	1923997	1924089	93						
2029	5513	1926011	1921548	4464	pir:T03099	Sus scrofa domestica	23.2	49.2	1408	submaxillary apomucin
2030	5514	1926133	1926246	114						
2031	5515	1926838	1926260	579						
2032	5516	1928190	1927246	945						
2033	5517	1928212	1928382	171	sp:MTE1_ECOLI	Escherichia coli ecoR1	42.6	65.6	61	modification methylase
2034	5518	1928469	1928377	93						
2035	5519	1930880	1929060	1821						
2036	5520	1931191	1930991	201						
2037	5521	1931889	1931422	468						
2038	5522	1932316	1931936	381	pir:H70638	Mycobacterium tuberculosis H37RV	38.6	58.8	114	involved in regulation
2039	5523	1932880	1932374	507						
2040	5524	1934359	1933523	837						
2041	5525	1934946	1934839	108						
2042	5526	1935913	1934972	942	sp:Y137_METJA	Methanococcus jannaschii MJ0137	27.1	54.6	328	
2043	5527	1936227	1936850	624						
2044	5528	1936875	1936976	102						
2045	5529	1937203	1937412	210						
2046	5530	1938020	1937487	534						
2047	5531	1939065	1938532	534						
2048	5532	1938946	1940136	1191						
2049	5533	1940258	1940845	588						
2050	5534	1941108	1941551	444						
2051	5535	1942485	1941733	753						
2052	5536	1942511	1942813	303						
2053	5537	1942998	1943096	99						
2054	5538	1943096	1943311	216						
2055	5539	1943681	1944565	885						
2056	5540	1945436	1944609	828	prf:2509434A	Enterococcus faecalis	23.0	44.1	304	surface protein
2057	5541	1945892	1945596	297						

【0329】

【表 105】

第 1-105 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2058	5542	1946333	1945953	381						
2059	5543	1947038	1946610	429						
2060	5544	1948651	1947071	1581	sp:CSP1_COR6L	Corynebacterium glutamicum csp1	30.7	54.4	270	major secreted protein
2061	5545	1951451	1949022	2430						
2062	5546	1952486	1951620	867						
2063	5547	1954823	1952547	2277	sp:TOP3_ECOLI	Escherichia coli topB	23.8	50.9	597	DNA topoisomerase III
2064	5548	1958288	1956204	2085						
2065	5549	1959341	1958451	891						
2066	5550	1960197	1959766	432						
2067	5551	1961115	1960372	744						
2068	5552	1963001	1961115	1887	sp:CSP1_COR6L	Corynebacterium glutamicum csp1	29.7	54.7	344	major secreted protein
2069	5553	1963430	1963140	291						
2070	5554	1964744	1963515	1230						
2071	5555	1965476	1965613	138						
2072	5556	1965903	1964728	1176						
2073	5557	1966268	1965912	357						
2074	5558	1966302	1966985	684	sp:NUC_STAAU	Staphylococcus aureus	30.4	57.7	227	thermonuclease
2075	5559	1967234	1967118	117						
2076	5560	1967436	1967290	147						
2077	5561	1967605	1968168	564						
2078	5562	1968529	1968422	108						
2079	5563	1968265	1969716	1452						
2080	5564	1969746	1970204	459						
2081	5565	1970255	1971475	1221						
2082	5566	1971673	1973091	1419						
2083	5567	1973148	1973738	591						
2084	5568	1973810	1974205	396						
2085	5569	1974268	1974504	237						
2086	5570	1975172	1975795	624	prf:2313347B	Shewanella sp. ssb	24.9	59.1	225	single stranded DNA- binding protein
2087	5571	1975917	1976495	579						
2088	5572	1976523	1976984	462						

【0330】

【表 106】

第 1-106 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2089	5573	1977044	1977550	507						
2090	5574	1977743	1978330	588						
2091	5575	1978390	1978722	333						
2092	5576	1978661	1979218	558						
2093	5577	1979240	1979809	570						
2094	5578	1979975	1980886	912	sp:S24D_ANGA	Anopheles gambiae	25.7	52.6	249	serine protease
2095	5579	1980966	1981658	693						
2096	5580	1981664	1982029	366						
2097	5581	1982092	1981913	180						
2098	5582	1982072	1982818	747						
2099	5583	1983024	1982869	156						
2100	5584	1983187	1983549	363						
2101	5585	1983612	1983884	273						
2102	5586	1983919	1984182	264						
2103	5587	1984218	1984451	234						
2104	5588	1984388	1984729	342						
2105	5589	1985093	1985365	273						
2106	5590	1985374	1985072	303						
2107	5591	1986591	1985443	1149	sp:VINT_BPML5	Mycobacterium phage L5	29.6	55.9	406	integrase
2108	5592	1987897	1987508	390	esp:R23011	Brevibacterium lactofermentum CGL2005 ISA81	83.9	94.4	124	transposase
2109	5593	1988304	1987888	417	esp:R23011	Brevibacterium lactofermentum CGL2005 ISA81	70.9	84.6	117	transposase
2110	5594	1988484	1988371	114	esp:R21601	Brevibacterium lactofermentum CGL2005 ISA81	80.7	96.8	31	transposition repressor
2111	5595	1988384	1988590	207						
2112	5596	1988665	1988531	135	pir:S60889	Corynebacterium glutamicum orf1	74.4	88.4	43	transposition repressor
2113	5597	1989606	1988779	828	ep:SCJ11_12	Streptomyces coelicolor A3(2)]	31.1	53.7	270	transposase

【0331】

【表107】

第1-107表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2114	5598	1990273	1990368	96						
2115	5599	1990765	1989875	891						
2116	5600	1991621	1991190	432						
2117	5601	1992539	1991796	744						
2118	5602	1994122	1992539	1584						
2119	5603	1994431	1994306	126						
2120	5604	1994705	1994562	144						
2121	5605	1995295	1994609	687	sp:VINT_BPML5	Mycobacterium phage L5 int	28.7	56.1	223	integrase
2122	5606	1996089	1995784	306	pir:F64546	Helicobacter pylori 26895 HP0214	39.8	76.1	88	sodium-dependent transporter
2123	5607	1996107	1996538	432	sp:YXAA_BACSU	Bacillus subtilis yxaA	48.9	81.5	92	
2124	5608	1996769	1997113	345						
2125	5609	1997169	1997504	336						
2126	5610	1997546	1998241	696	pir:C70968	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2671_ribD	33.5	64.4	233	riboflavin biosynthesis protein
2127	5611	1998290	1999543	1254	pir:E70968	Mycobacterium tuberculosis H37RV	42.5	71.9	384	potential membrane protein
2128	5612	1999543	1999950	408	apu:AF128264.2	Streptococcus gordonii msrA	41.3	67.5	126	methionine sulfoxide reductase
2129	5613	2000133	1999708	426						
2130	5614	2001217	2000522	696	pir:H70968	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2676c	55.2	77.2	232	
2131	5615	2001490	2002113	624	pir:C70528	Mycobacterium tuberculosis H37RV	55.7	78.6	201	
2132	5616	2002073	2003335	1263	sp:RND_HAEIN	Haemophilus influenzae Rd KH20 HI0390_rnd	25.9	52.8	371	ribonuclease D
2133	5617	2005310	2003403	1908	sp:AB026631.1	Streptomyces sp. CL190 dxs	55.3	78.5	618	1-deoxy-D-xylulose 5- phosphate synthase
2134	5618	2006698	2005463	1236	pir:E72298	Thermotoga maritima MS88 TM1094	25.4	52.3	472	RNA methyltransferase
2135	5619	2006699	2006980	282						

【0332】

【表 108】

第 1-108 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2136	5620	2007638	2006778	861	pir:C70530	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2696c	38.1	62.7	268	
2137	5621	2008185	2007739	447	sp:DUT_STR00	Streptomyces coelicolor A3(2) SC2E9_09_dut	55.0	82.1	140	deoxyuridine 5'- triphosphate nucleotidohydrolase
2138	5622	2008251	2008799	549	pir:E70530	Mycobacterium tuberculosis H37RV	46.0	70.7	150	
2139	5623	2009083	2008877	207						
2140	5624	2009571	2009281	291	pir:F70530	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2696c	58.0	81.0	100	
2141	5625	2010540	2009725	816	sp:SUHB_EC011	Escherichia coli K12 subB	38.4	68.2	198	extragenic suppressor protein
2142	5626	2010556	2011383	828	sp:PPGK_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2702_ppgk	54.4	80.2	248	polyposphatase glucokinase
2143	5627	2011864	2013357	1494	prf:2204286A	Corynebacterium glutamicum sigA	98.0	98.6	500	RNA polymerase transcription factor
2144	5628	2013976	2014098	123						
2145	5629	2015497	2014163	1335	sp:YRKO_BAGSU	Bacillus subtilis yrkO	23.9	51.4	422	integral membrane
2146	5630	2016722	2015586	537						
2147	5631	2017967	2016258	1710	sp:Y065_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV	61.3	80.8	578	
2148	5632	2018203	2017967	237	pir:G70531	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2708c	65.8	85.5	76	
2149	5633	2018120	2018755	636	pir:H70531	Mycobacterium tuberculosis H37RV	32.3	59.1	127	
2150	5634	2018745	2020277	1533	sp:SCH5_8	Streptomyces coelicolor cosmid H5	33.5	61.2	523	transferase
2151	5635	2020294	2020725	432	prf:2204286C	Corynebacterium glutamicum ORF1	97.2	100.0	144	

【0333】

【表109】

第1-109表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2152	5636	2020855	2021847	993	prf:22042860	Corynebacterium glutamicum sigB	100.0	100.0	331	RNA polymerase transcription factor
2153	5637	2022267	2022950	684	pir:140339	Corynebacterium glutamicum dtxR	98.7	99.6	228	diphtheria toxin repressor
2154	5638	2022960	2023946	987	sp:GALE_BRELA	Brevibacterium lactofermentum gale	99.1	99.1	329	UDPGlucose 4-epimerase
2155	5639	2025271	2023949	1323						
2156	5640	2025424	2026380	957	pir:E70532	Mycobacterium tuberculosis H37RV	45.3	79.0	305	
2157	5641	2026495	2029044	2550	sp:WTR4_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YUL050W	24.4	50.7	661	ATP-dependent RNA helicase
2158	5642	2029077	2029166	90						
2159	5643	2029178	2030158	981	sp:OXYR_ECOLI	Escherichia coli oxyR	35.8	65.6	299	hydrogen peroxide- inducible genes
2160	5644	2031366	2030278	1089						
2161	5645	2031479	2035384	3906	sp:HRPA_ECOLI	Escherichia coli hrpA	49.2	76.2	1298	ATP-dependent helicase
2162	5646	2035881	2035432	450	gp:SCAJ4870_3	Streptomyces clavuligerus nrdR	61.4	86.2	145	regulatory protein
2163	5647	2036410	2035991	420						
2164	5648	2036813	2037508	696	sp:LEXA_BACSU	Bacillus subtilis dinR	46.9	71.6	222	SOS regulatory protein
2165	5649	2037816	2038592	777	sp:GATR_ECOLI	Escherichia coli K12 gatR	33.9	67.8	245	galactitol utilization operon repressor
2166	5650	2038592	2039551	960	gpi:SGE22_14	Streptomyces coelicolor A3(2)	27.2	55.6	320	phosphofructokinase
2167	5651	2041322	2039619	1704	sp:PT1_BACST	Bacillus stearothermophilus	34.3	64.0	592	phosphoenolpyruvate- protein
2168	5652	2041729	2042520	792	sp:GLPR_ECOLI	Escherichia coli K12 glpR	26.7	62.6	262	glycerol-3-phosphate regulon repressor
2169	5653	2042520	2043509	990	sp:KIPF_RHOCA	Rhodobacter capsulatus fruk	33.0	55.7	345	1-phosphofructokinase
2170	5654	2043737	2045572	1836	sp:PTFB_ECOLI	Escherichia coli K12 frua	43.0	69.6	549	PTS system, fructose- specific IIBC component

【0334】

【表 110】

第 1-110 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2171	5655	2045763	2046029	267	sp:PTHP_BACST	Bacillus stearothermophilus XL- 65-6 pish	37.0	71.6	81	phosphocARRIER protein
2172	5656	2046678	2046526	153						
2173	5657	2047296	2046715	582						
2174	5658	2048607	2047321	1287	sp:PYRP_BACCL	Bacillus caldolyticus pyrp	39.1	70.5	407	uracil permease
2175	5659	2050108	2048651	1458	sp:AF145049_8	Streptomyces fradiae orf11*	54.4	80.0	419	ATP/GTP-binding protein
2176	5660	2050322	2051107	786						
2177	5661	2051307	2051843	537						
2178	5662	2052676	2051846	831	sp:DAPF_HAEIN	Haemophilus influenzae Rd KW20 H10750_dapF	33.5	64.7	269	diaminopimelate epimerase
2179	5663	2053587	2052685	903	sp:WIAA_ECOLI	Escherichia coli K12 miaA	40.0	68.7	300	tRNA delta-2- isopentenylpyrophosphat e transferase
2180	5664	2054284	2053610	675						
2181	5665	2054404	2055762	1359	pir:B70506	Mycobacterium tuberculosis H37RV	48.5	75.7	445	
2182	5666	2055766	2056788	1023						
2183	5667	2057789	2057121	669	pir:C70506	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2732c	29.0	63.7	190	
2184	5668	2059421	2057856	1566	sp:Y195_MYCLE	Mycobacterium leprae B2235_C2_195	68.4	86.4	494	
2185	5669	2059775	2060500	726	sp:GLUA_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 glua	99.6	99.6	242	glutamate transport ATP-binding protein
2186	5670	2060621	2061505	885	sp:GLUB_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 glub	100.0	100.0	295	glutamate-binding protein
2187	5671	2061630	2062313	684	sp:GLUC_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 gluc	100.0	100.0	225	glutamate transport system permease protein

【0335】

【表 111】

第 1-111 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7nt/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2188	5672	2062442	2063260	819	sp:GLUD_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 glud	99.3	99.6	273	glutamate transport system permease protein
2189	5673	2063895	2063299	597	sp:RECA_MYCLE	Corynebacterium leprae	34.5	66.9	142	regulatory protein
2190	5674	2065117	2063990	1128	sp:RECA_CORGL	Corynebacterium glutamicum recA	100.0	100.0	376	recA protein
2191	5675	2065093	2065209	117						
2192	5676	2065209	2065310	102						
2193	5677	2065628	2065395	234	pir:A70878	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2738c	40.3	71.6	67	
2194	5678	2066405	2065668	738						
2195	5679	2066567	2067142	576	sp:B10Y_BACSH	Bacillus sphaericus	33.0	61.4	197	biotin synthase
2196	5680	2067169	2067867	699	p:P0TG_ECOLI	Escherichia coli K12 potG	33.2	69.5	223	putrescine transport ATP-binding protein
2197	5681	2067867	2068475	609	pir:F69742	Bacillus subtilis ybaF	24.6	58.8	228	
2198	5682	2068704	2069393	690	pir:B60176	Mycobacterium tuberculosis	41.7	78.5	228	
2199	5683	2069384	2068557	828	sp:35KD_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV2744C	72.5	89.6	269	35kD protein
2200	5684	2069937	2069617	321	pir:H70878	Mycobacterium tuberculosis H37RV RV2745c	54.2	78.3	83	regulator
2201	5685	2070513	2069998	516	sp:CINA_STRPN	Streptococcus pneumoniae REX cina	41.8	68.5	165	competence damage induced proteins
2202	5686	2071122	2070520	603	prf:24213340	Streptococcus pyogenes pgaA	38.8	72.5	160	phosphotidylglycerophos phate synthase
2203	5687	2071316	2071600	285	pir:T110688	Arabidopsis thaliana ATSP:T16118.20	24.8	52.1	117	
2204	5688	2071625	2071741	117	gp:AF071810_1	Streptococcus pneumoniae DBL5 pspA	60.0	70.0	30	
2205	5689	2072906	2071800	1107	prf:2110295D	Escherichia coli terC	31.0	59.8	358	tellurite resistance protein

【0336】



【表 112】

第 1-112 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2206	5690	2076057	2073295	2763	sp:SP3E_BAGSU	Bacillus subtilis 168 spoilIE	38.0	64.6	845	stage III sporulation protein E
2207	5691	2077025	2076393	633	gp:SC466_14	Streptomyces coelicolor A3(2)	33.3	61.0	216	
2208	5692	2079276	2077123	2154	sp:YOR4_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ORF4	99.1	99.4	645	
2209	5693	2080193	2079282	912	sp:DAPA_BRELA	Brevibacterium lactofermentum ATCC 13869 dapA	100.0	100.0	301	dihydrodipicolinate synthase
2210	5694	2081137	2080388	750	sp:YDAP_BRELA	Brevibacterium lactofermentum ATCC 13869 ORF2	99.2	99.6	250	
2211	5695	2081935	2081192	744	sp:DAPB_CORGL	Corynebacterium glutamicum dapB	100.0	100.0	248	dihydrodipicolinate reductase
2212	5696	2082369	2082106	264						
2213	5697	2082116	2082814	699						
2214	5698	2085191	2082933	2259	prf:2217311A	Streptomyces antibioticus gpi1	65.4	85.3	742	guanosine pentaphosphate
2215	5699	2085703	2085437	267	pir:F69700	Bacillus subtilis rps0	64.0	88.8	89	30s ribosomal protein
2216	5700	2086827	2085880	948	2518365A	Leishmania major Corynebacterium	35.1	63.3	319	nucleoside hydrolase
2217	5701	2087942	2086920	1023	sp:RIBF_CORAM	ammonia ATCC 6872 ribf	56.2	79.0	329	FAD pyrophosphorylase
2218	5702	2087974	2088864	891	sp:TRUB_BAGSU	Bacillus subtilis 168 truB	32.7	61.7	303	tRNA pseudouridine synthase B
2219	5703	2089869	2089219	651	gp:SC5A7_23	Streptomyces coelicolor A3(2)	42.2	62.5	237	
2220	5704	2090665	2089862	804	pir:B70885	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2795c	46.9	68.9	273	phosphoesterase
2221	5705	2092056	2090752	1305	pir:G70693	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2836c, dinF	51.0	78.8	433	DNA damaged inducible protein f

【0337】

【表 113】

第 1-113 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2222	5706	2093047	2092052	996	pir:H70693	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2837c	36.7	70.8	308	
2223	5707	2093502	2093056	447	sp:R8FA_BACSU	Bacillus subtilis 168 rbfa	32.4	70.4	108	ribosome-binding factor
2224	5708	2096724	2093713	3012	sp:IF2_STIAU	Stigmatella aurantiaca DW4 InfB	37.7	62.9	1103	translation initiation factor IF-2
2225	5709	2097180	2096845	336	gpu:SC5H4_29	Streptomyces coelicolor A3(2)	44.6	66.3	83	
2226	5710	2098376	2097381	996	sp:NUSA_BACSU	Bacillus subtilis 168 nusa	42.3	71.0	352	n-utilization substance protein
2227	5711	2098946	2098413	534	pir:E70588	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2842c	34.6	65.5	165	
2228	5712	2098563	2098816	1254						
2229	5713	2100241	2101842	1602	sp:DPPE_BACSU	Bacillus subtilis 168 dppe	25.3	60.9	534	peptide-binding protein
2230	5714	2102024	2102947	924	sp:DPPB_ECOLI	Escherichia coli K12 dppB	37.7	69.4	337	peptidetransport system permease
2231	5715	2102976	2103974	999	prf:1709239C	Bacillus subtilis Rv3663c_dppD	38.4	69.2	292	oligopeptide permease
2232	5716	2103974	2105704	1731	pir:H70788	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3663c_dppD	57.6	81.3	552	peptidetransport system ABC-transporter ATP- binding protein
2233	5717	2107565	2105802	1764	sp:SYP_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2845c_proS	67.0	84.6	578	prolyl-tRNA synthetase
2234	5718	2107653	2108387	735	gpu:SCC30_5	Streptomyces coelicolor A3(2)	39.5	65.0		
2235	5719	2109148	2108390	759	sp:8CHD_RHOSH	Rhodospirillum rubrum ATCC 17023	32.4	60.7	37	magnesium-chelataase 60kD subunit
2236	5720	2110256	2109156	1101	prf:2503462AA	Helicobacter pylori hsl	46.5	69.6	342	magnesium-chelataase
2237	5721	2111184	2110435	750	prf:2108318B	Propionibacterium freudenreichii coba	49.0	73.8	237	uroporphyrinogen III methyltransferase

【0338】

【表 114】

第 1-114 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2238	5722	2111239	2112660	1422	sp:YPLC_CLOPE	Clostridium perfringens NCIB 10662	41.2	68.7	488	
2239	5723	2113617	2112718	900	gp:SCSH_10	Streptomyces coelicolor A3(2)	35.1	62.3	151	
2240	5724	2115364	2113865	1500	gp:CGA224946_1	Corynebacterium glutamicum mgo	100.0	100.0	500	L-malate dehydrogenase (acceptor)
2241	5725	2115762	2116775	1014	pir:A70590	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	37.6	65.7	338	
2242	5726	2116917	2118311	1395	sp:GSHR_BURCE	Burkholderia cepacia AC1100 gor	53.0	76.6	466	glutathione reductase
2243	5727	2118608	2119081	474						
2244	5728	2119140	2119496	357						
2245	5729	2119629	2120357	729						
2246	5730	2121148	2120360	789	sp:ANPM_ECOLI	Escherichia coli K12	47.2	75.8	252	methionine
2247	5731	2123162	2121297	1866	prf:2224268A	Streptomyces clavuligerus pcbR	27.3	56.5	630	penicillin binding protein
2248	5732	2123849	2123220	630	prf:2518330B	Corynebacterium diphtheriae chra	44.0	72.2	216	response regulator
2249	5733	2124997	2123849	1149	prf:2518330A	Corynebacterium diphtheriae chrs	29.5	56.8	424	histidine kinase
2250	5734	2125090	2126046	957	gp:AE001863_70	Deinococcus radiodurans DRAO279	24.4	58.1	360	
2251	5735	2126433	2126317	117						
2252	5736	2126065	2126754	690	prf:2420410P	Bacillus subtilis 168 yvr0	37.3	71.1	225	ABC transporter
2253	5737	2127088	2126927	162						
2254	5738	2128484	2127351	1134	sp:GCPE_ECOLI	Escherichia coli K12	44.3	73.8	359	gcpE protein
2255	5739	2129881	2128670	1212	pir:G70886	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2869c	43.0	73.6	405	
2256	5740	2131079	2129904	1176	sp:DXR_ECOLI	Escherichia coli K12 dxr	22.8	42.0	312	1-deoxy-D-xylulose-5- phosphate
2257	5741	2131342	2131151	192						
2258	5742	2131727	2131248	480						

【0339】

【表 115】

第 1-115 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2259	5743	2131323	2131763	441						
2260	5744	2133403	2131826	1578						
2261	5745	2134261	2133407	855	pir:B72334	Thermotoga maritima MS88 TM0793	37.1	75.1	245	ATP-binding transport protein
2262	5746	2135552	2134455	1098	sp:PFLA_EC0L1	Escherichia coli K12 pflA	60.1	79.2		pyruvate-formate-lyase 1 activating enzyme
2263	5747	2135885	2136142	258	pir:A70801	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	41.5	74.5	94	
2264	5748	2137090	2136236	855	sp:CDSA_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa ATCC 15692 cdsA	33.3	56.5	294	phosphatidate cytidyltransferase
2265	5749	2137841	2137287	555	sp:RRF_BACSU	Bacillus subtilis 168	47.0	84.3	185	ribosome recycling
2266	5750	2138665	2137937	729	prf:2510355C	Pseudomonas aeruginosa pyrH	28.4	43.1	109	uridylate kinase
2267	5751	2138995	2139855	861						
2268	5752	2139828	2139004	825	sp:EFTS_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) SC2E1.42. tsf	49.6	76.8	280	elongation factor Ts
2269	5753	2140887	2140072	816	pir:A69699	Bacillus subtilis rpsB	54.7	83.5	254	30S ribosomal protein
2270	5754	2141258	2141761	504						
2271	5755	2142687	2141764	924	prf:2417318A	Proteus mirabilis xerD	40.1	68.7	297	site-specific
2272	5756	2143169	2143333	165						
2273	5757	2144067	2142886	1182	sp:YX27_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2896c	39.8	66.8	395	
2274	5758	2145587	2144067	1521	sp:YX28_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2897c	46.6	75.8	504	
2275	5759	2145942	2145577	366	sp:YX29_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2898c	40.3	72.3	119	
2276	5760	2146567	2146265	303	sp:YX32_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2901c	68.3	96.0	101	

【0340】

【表 116】

第 1-116 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2277	5761	2147193	2146567	627	sp:RNH2_HAEIN	Haemophilus influenzae RD H1059_rnhB	42.6	69.5	190	ribonuclease H II
2278	5762	2147232	2148023	792						
2279	5763	2148047	2147262	786	prf:2514288H	Streptomyces lividans TK21 sipY	32.3	61.1	285	signal peptidase
2280	5764	2148152	2148057	96						
2281	5765	2148232	2149167	936	prf:2510361A	Staphylococcus aureus sra	25.4	59.1	323	Fe-regulated protein
2282	5766	2149572	2149360	213						
2283	5767	2149907	2149635	273	sp:RL19_BACST	Bacillus stearothermophilus	70.3	88.3	111	50S ribosomal protein L19
2284	5768	2150336	2150998	663	sp:THIE_BACSU	Bacillus subtilis 168 thiE	28.4	60.9	225	thiamine phosphate pyrophosphorylase
2285	5769	2151040	2152119	1080	gp:SG6E10_1	Streptomyces coelicolor A3(2)	34.0	64.1	376	oxidoreductase
2286	5770	2152136	2152330	195	sp:THIS_ECOLI	Escherichia coli K12	37.1	74.2	62	This protein
2287	5771	2152335	2153114	780	sp:THIG_ECOLI	Escherichia coli K12 thiG	48.2	76.9	251	thiamine biosynthetic enzyme
2288	5772	2153059	2154192	1134	prf:2417383A	Emricella nidulans cnaF	30.2	56.8	437	molybdopterin biosynthesis protein
2289	5773	2156734	2154461	2274	sp:TEX_BORPE	Bordetella pertussis TOHAMA I Tex	56.6	78.7	776	transcriptional accessory protein
2290	5774	2157722	2156748	975	pir:A36940	Bacillus subtilis 168 degA	27.0	65.3	334	sporulation-specific degradation regulator protein
2291	5775	2159182	2157755	1428	pir:H72105	Chlamydia pneumoniae GWL029_ybhI	45.8	78.3	456	dicarboxylase translocator
2292	5776	2160538	2159288	1251	sp:PCAB_PSEPU	Pseudomonas putida pcaB	39.1	66.3	350	3-carboxy-cis,cis- muconate cyclisomerase
2293	5777	2160671	2160769	99						
2294	5778	2161504	2161112	393						
2295	5779	2162197	2161508	690						
2296	5780	2163015	2162197	819	sp:TRND_ECOLI	Escherichia coli K12 trnD	34.8	64.8	273	tRNA (guanine-NI)- methyltransferase

【0341】

【表 117】

第 1-117 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2297	5781	2163099	2163746	648	gp:SCF81_27	Streptomyces coelicolor A3(2)	30.5	57.6	210	
2298	5782	2164261	2163749	513	sp:RINN_MYCLE	Mycobacterium lepra MLC8250_34_rimm	52.3	72.1	172	16S rRNA processing protein
2299	5783	2164391	2164738	348	pir:B71881	Helicobacter pylori J99_jhp0839	29.0	66.7	69	
2300	5784	2165310	2164816	495	pir:C47154	Bacillus subtilis 168 rpsP	47.0	79.5	83	30S ribosomal protein S16
2301	5785	2165524	2166099	576	pir:T14151	Mus musculus inv	32.1	61.7	196	inversin
2302	5786	2166991	2166125	867	prf:25123288	Streptococcus agalactiae cytB	26.6	69.1	256	ABC transporter
2303	5787	2167866	2166991	876	prf:2220349C	Pyrococcus horikoshii OT3 genomic DNA 777001-994000 nt_mtrA	35.5	63.8	318	ABC transporter
2304	5788	2169585	2167945	1641	sp:SR54_BACSU	Bacillus subtilis 168 ffh	58.7	78.2	559	signal recognition particle protein
2305	5789	2171742	2169667	2076	gp:CAJ10319_4	Corynebacterium glutamicum glnD	100.0	100.0	692	uridylyltransferase, uridylyl-removing
2306	5790	2171716	2172132	417						
2307	5791	2172087	2171752	336	gp:CAJ10319_3	Corynebacterium glutamicum glnB	100.0	100.0	112	nitrogen regulatory protein P-II
2308	5792	2173468	2172155	1314	gp:CAJ10319_2	Corynebacterium glutamicum amtP	100.0	100.0	438	ammonium transporte
2309	5793	2175289	2173760	1530	sp:FTSY_ECOLI	Escherichia coli K12	37.0	66.1	505	cell division protein
2310	5794	2176047	2175889	159						
2311	5795	2179503	2176111	3393	sp:AMVH_YEAST	Saccharomyces cerevisiae S288C	22.4	46.2	1144	glucoamylase S1/S2 precursor
2312	5796	2183093	2179629	3465	sp:Y068_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2922c_snc	48.3	72.6	1206	chromosome segregation protein
2313	5797	2183392	2183111	282	sp:ACYP_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2922_1C	51.1	73.9	92	acylphosphatase
2314	5798	2185259	2183406	1854						

【0342】

【表 118】

第 1-118 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2315	5799	2186209	2185352	858	sp:YFER_EC01	Escherichia coli K12	23.9	60.0	305	transcriptional
2316	5800	2186300	2187130	831	pir:S72748	Mycobacterium leprae MJC1581_28c	39.3	73.5	257	membrane protein
2317	5801	2187161	2187343	183						
2318	5802	2187680	2187234	447						
2319	5803	2188307	2187693	615	gp:DNINTREG_3	Dichelobacter nodosus	46.8	76.6	188	
2320	5804	2189171	2188314	858	sp:FPG_EC01	Escherichia coli K12 mutM	36.1	66.7	285	formamidopyrimidine-DNA glycosylase
2321	5805	2189907	2189167	741	pir:B69693	Bacillus subtilis 168 rncS	40.3	76.5	221	ribonuclease III
2322	5806	2190440	2189907	534	sp:Y06F_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2926c	35.8	62.5	176	
2323	5807	2191329	2190541	789	sp:Y06G_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2927c	50.0	76.9	238	
2324	5808	2191456	2191560	105						
2325	5809	2191523	2193166	1644	prf:2104260G	Streptomyces	28.3	55.6	559	transport protein
2326	5810	2193166	2194695	1530	sp:CYDC_EC01	Escherichia coli K12	26.6	58.8	541	ABC transporter
2327	5811	2196083	2194743	1341	pir:S32227	Corynebacterium glutamicum ATCC 17965 adhA	100.0	100.0	447	glutamate dehydrogenase
2328	5812	2196505	2196416	90						
2329	5813	2196900	2196808	93						
2330	5814	2196884	2198005	1122	gp:SC9C7_2	Streptomyces coelicolor A3(2)	35.3	62.6	388	
2331	5815	2198448	2198008	441						
2332	5816	2198476	2199759	1284	pir:A72322	Thermotoga maritima MS88_TM0896	21.0	43.7	405	
2333	5817	2199809	2201071	1263	sp:H1P0_CANJE	Campylobacter jejuni ATCC 43431 hip0	32.9	64.3	353	hippurate hydrolase
2334	5818	2201409	2201074	336	pir:S38197	Arabidopsis thaliana (mouse-ear cress) SUC1	27.1	51.9	133	sucrose transport protein
2335	5819	2201585	2201451	135						

【0343】

【表 119】

第 1-119 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2336	5820	2201870	2201595	276						
2337	5821	2204542	2201993	2550	prf:2513410A	Thermococcus litoralis malp	36.1	67.4	814	maltodextrin phosphorylase
2338	5822	2205491	2204592	900	sp:YFIE_BAGSU	Bacillus subtilis 168 yfie	33.9	66.4	295	
2339	5823	2207093	2205669	1425	sp:KPYK_CORGL	Corynebacterium glutamicum	99.8	100.0	475	pyruvate kinase
2340	5824	2208250	2207303	948	sp:LG7_STAAU	Staphylococcus aureus FDA 485 1gt	31.4	65.5	264	prolipoprotein diacylglyceryl
2341	5825	2208373	2208474	102						
2342	5826	2209168	2208368	801	sp:TRPG_EMENI	Emericella nidulans trpg	29.6	62.1	169	anthranilate synthase component II
2343	5827	2209889	2209233	657	pir:H70556	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	29.4	58.8	228	membrane protein
2344	5828	2210274	2209921	354	sp:HIS3_RHOSH	Rhodobacter sphaeroides ATCC 17023	52.8	79.8	89	phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase
2345	5829	2211047	2210274	774	sp:HIS6_CORG	Corynebacterium glutamicum hisF	97.3	97.7	258	cyclase
2346	5830	2211876	2211052	825						
2347	5831	2212620	2211883	738	ep:AF051846	Corynebacterium glutamicum hisA	95.9	97.6	245	phosphoribosylformimino -5-aminoimidazole carboxamide ribotide
2348	5832	2213274	2212642	633	ep:AF060568_1	Corynebacterium glutamicum hisH	86.7	92.4	210	glutamine amidotransferase
2349	5833	2215587	2214322	1266	sp:CMIR_STRLI	Streptomyces lividans 66 cmR	25.6	54.0	402	chloramphenicol resistance protein
2350	5834	2215864	2215640	225						
2351	5835	2216475	2215870	606	sp:HIS7_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) hisB	52.5	81.8	198	imidazole glycerol- phosphate dehydratase
2352	5836	2217592	2216495	1098	sp:HIS8_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) hisC	57.2	79.3	362	histidinol-phosphate aminotransferase
2353	5837	2218926	2217601	1326	sp:HISX_MYCSM	Mycobacterium smegmatis ATCC 607	63.8	85.7	439	histidinol dehydrogenase

【0344】



【表 120】

第 1-120 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7≡/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2354	5838	2219160	2220359	1200	gp:SPBC215_13	Schizosaccharomyces pombe SPBC215.13				serine-rich secreted protein
2355	5839	2221110	2220460	651						
2356	5840	2221829	2221188	642	prf:2321269A	Leishmania donovani SAcP-1	29.4	59.7	211	histidine secretory acid phosphatase
2357	5841	2221612	2221920	309						
2358	5842	2221959	2222519	561	pir:RPECR1	Escherichia coli plasmid RPI tetR	28.9	60.8	204	tet repressor protein
2359	5843	2222529	2225036	2508	prf:2307203B	Sulfolobus acidocaldarius treX	47.4	75.5	722	glycogen debranching enzyme
2360	5844	2225150	2225950	801	pir:E70572	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	50.0	76.0	258	
2361	5845	2226764	2225991	774	gp:SC265_27	Streptomyces coelicolor A3(2)	29.9	55.2	268	oxydoreductase
2362	5846	2227780	2226770	1011	prf:2503399A	Sinorhizobium meliloti idhA	35.0	60.9	343	myo-inositol dehydrogenase
2363	5847	2227907	2228902	996	sp:GALR_EC01	Escherichia coli K12	30.4	64.4	329	galactose operon
2364	5848	2229897	2229100	798	sp:FHUC_BACSU	Bacillus subtilis 168 fhuc	32.9	68.3	246	ferrichrome ABC transporter
2365	5849	2230938	2229901	1038	prf:2423441E	Vibrio cholerae hucC	36.8	71.1	332	hemin permease
2366	5850	2231295	2230948	348	pir:G70046	Bacillus subtilis 168 yvrC	30.1	68.0	103	iron-binding protein
2367	5851	2231933	2231340	594	pir:G70046	Bacillus subtilis 168 yvrC	34.6	67.6	182	iron-binding protein
2368	5852	2232457	2232017	441	sp:YTFH_EC01	Escherichia coli K-12 ytfH	38.1	73.5	113	
2369	5853	2232929	2234071	1143	gp:SC18_12	Streptomyces coelicolor A3(2)	23.4	50.1	355	DNA polymerase III epsilon chain
2370	5854	2234159	2234764	606						
2371	5855	2234853	2237285	2433	pir:S65769	Arthrobacter sp Q36 treY	42.0	68.6	814	maltooligosyl trehalose synthase
2372	5856	2237332	2238354	1023	gp:AE002006_4	Deinococcus radiodurans DR1631	27.6	52.8	322	
2373	5857	2238479	2238607	129						

【0345】

【表 121】

第 1-121 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2374	5858	2239093	2238695	399						
2375	5859	2240043	2239846	198						
2376	5860	2240247	2240059	189						
2377	5861	2240564	2239509	1056						
2378	5862	2240682	2241725	1044	sp:LX1_PHOLU	Photorhabdus luminescens ATCC 29999	20.5	54.4	375	alkanal monooxygenase alpha chain
2379	5863	2242116	2241739	378	gp:SC7H2_5	Streptomyces coelicolor A3(2)	58.3	79.2	120	
2380	5864	2242360	2242130	231						
2381	5865	2243044	2242394	651	YVE_BACSU	Bacillus subtilis 168 yve	36.5	72.4	214	
2382	5866	2243036	2244820	1785	pir:S65770	Arthrobacter sp Q36 trez	46.3	72.4	568	maltooligosyltrehalose trehalohydrolase
2383	5867	2246172	2244865	1308	sp:THD1_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ilva	99.3	99.3	436	threonine dehydratase
2384	5868	2246451	2246296	156						
2385	5869	2246387	2246893	507						
2386	5870	2248209	2247007	1203	pir:S57636	Catharanthus roseus metE	22.7	49.6	415	5- methyltetrahydropteroyl triglutamate-- homocysteine S-
2387	5871	2251940	2248359	3582	prf:2508371A	Streptomyces coelicolor A3(2) dnaE	53.3	80.5	1183	DNA polymerase III
2388	5872	2252018	2252857	840	sp:RAD_ECOLI	Escherichia coli K12	37.6	73.8	279	
2389	5873	2253193	2253660	468	sp:HISJ_CANJE	Campylobacter jejuni DZ72 hisJ	21.5	55.7	149	histidine-binding protein precursor
2390	5874	2253726	2254643	918	pir:D69548	Archaeoglobus fulgidus AF2388	22.7	64.7	198	transmembrane protein
2391	5875	2255559	2254684	876	sp:GS39_BACSU	Bacillus subtilis 168 ydaB	48.2	80.0	280	general stress protein
2392	5876	2257782	2257687	96						
2393	5877	2257025	2255739	1287	sp:DCDA_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa lysa	22.9	47.6	445	diaminopimelate decarboxylase

【0346】

【表 1 2 2】

第 1-122 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2394	5878	2259313	2258363	951	sp:CYSM_ALCEU	Alcaligenes eutrophus CH34 cysM	32.8	64.3	314	cysteine synthase
2395	5879	2260000	2259422	579		Escherichia coli K12 rliD				
2396	5880	2260932	2260003	930	sp:RLUD_ECOLI		36.5	61.0	326	ribosomal large subunit pseudouridine synthase
2397	5881	2261468	2260935	534	sp:LSPA_PSEFL	Pseudomonas fluorescens NCIB 10586	33.8	61.7	154	lipoprotein signal peptidase
2398	5882	2261689	2262690	1002						
2399	5883	2262851	2264500	1650	pir:S67863	Streptomyces antibioticus ole8	36.4	64.0	550	oleandomycin resistance protein
2400	5884	2265109	2264510	600	prf:2422382P	Rhodococcus erythropolis orf17	36.7	57.6	158	
2401	5885	2264997	2265299	303						
2402	5886	2265421	2266395	975	sp:ASPG_BACLI	Bacillus licheniformis	31.2	62.0	321	L-asparaginase
2403	5887	2268298	2266898	1401	sp:DIMP_ECOLI	Escherichia coli K12 dinP	31.8	60.7	371	DNA-damage-inducible protein P
2404	5888	2269246	2268389	858	sp:YBIF_ECOLI	Escherichia coli K12	31.5	61.5	286	
2405	5889	2270262	2269261	1002	gp:SCF51_6	Streptomyces coelicolor A3(2)	44.3	73.1	334	transcriptional regulator
2406	5890	2270305	2270436	132						
2407	5891	2270885	2270259	627	gp:SCF51_5	Streptomyces coelicolor A3(2)	42.0	67.0	212	
2408	5892	2274150	2270989	3162	sp:SYIC_YEAST	Saccharomyces cerevisiae A364A	38.5	65.4	1066	Isoleucyl-tRNA synthetase
2409	5893	2274689	2274474	216						
2410	5894	2275862	2274768	1095						
2411	5895	2276638	2276354	285	pir:F70578	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2146c	46.3	73.2	82	transmembrane protein
2412	5896	2277337	2276882	456	gp:BLFTSZ_6	Brevibacterium lactofermentum	99.3	99.3		YAK 1 protein
2413	5897	2278079	2277417	663	sp:YFZ1_CORGL	Corynebacterium glutamicum	97.7	99.6	221	24.0kDa protein in ftsZ 3' region

【0 3 4 7】

【表 123】

第 1-123 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2414	5898	2278860	2278123	738	prf:24204250	Brevibacterium lactofermentum yfih	99.2	100.0	246	
2415	5899	2280216	2278891	1326	sp:FTSZ_BRELA	Brevibacterium lactofermentum ftsZ	98.6	98.6	442	cell division protein
2416	5900	2281136	2280471	666	gsp:W70502	Corynebacterium glutamicum ftsQ	99.6	100.0	222	division initiation protein or cell division protein
2417	5901	2282624	2281167	1458	gp:AB015023_1	Corynebacterium glutamicum murG	99.4	99.8	486	UDP-N-acetylmuramate- alanine ligase
2418	5902	2283777	2282662	1116	gp:BLA242646_3	Brevibacterium lactofermentum murG	98.9	99.5	372	UDP-N- acetylglucosamine-N- acetylmuramyl- (pentapeptide) pyrophosphoryl- undecaprenol N- acetylglucosamine pyrophosphoryl- undecaprenol N-
2419	5903	2285432	2283783	1650	gp:BLA242646_2	Brevibacterium lactofermentum ftsW	99.4	99.6	490	cell division protein
2420	5904	2285905	2285438	468	gp:BLA242646_1	Brevibacterium lactofermentum MurD	99.1	99.1	110	UDP-N- acetylmuramoylamine- D-glutamate ligase
2421	5905	2287960	2286863	1098	sp:WRAY_ECOLI	Escherichia coli K12 mray	38.6	63.8	365	phospho-n- acetylmuramoyl-
2422	5906	2289511	2287970	1542	sp:MURF_ECOLI	Escherichia coli K12 murF	35.0	64.2	494	UDP-N- acetylmuramoylanyl-D- glutamyl-2,6- diaminopimelate-D- alanyl-D-alanyl ligase

【0348】

【表 124】

第 1-124 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2423	5907	2291074	2289524	1551	sp:MURE_BACSU	Bacillus subtilis 168 mure	37.7	67.6	491	UDP-N- acetylmuramoylalanyl-D- glutamate-2,6- diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.13)
2424	5908	2293165	2291213	1953	pir:SS4872	Pseudomonas aeruginosa pbb8	28.2	58.8	650	penicillin-binding protein 3
2425	5909	2294118	2293324	795						
2426	5910	2295128	2294118	1011	pir:A70581	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2155c	55.1	79.3	323	
2427	5911	2295805	2295377	429	ep:MLC8268_11	Mycobacterium leprae MLC8268_11c	72.0	88.8	143	
2428	5912	2296222	2296073	150						
2429	5913	2296899	2296513	387	pir:C70935	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2169c	39.4	69.3	137	
2430	5914	2297654	2297232	423						
2431	5915	2298253	2298122	132						
2432	5916	2297867	2298439	573	ep:MLC8268_13	Mycobacterium leprae MLC8268_13	36.3	65.3	190	
2433	5917	2299429	2298452	978	sp:MEF_STRLI	Streptomyces lividans 1326 mef	42.6	70.6	303	5,10- methylenetetrahydrofolate reductase
2434	5918	2299525	2300637	1113	pir:S32168	Mycoccus xanthus DK1050 ORF1	30.1	62.0	329	dimethylallyltranstrans ferase
2435	5919	2300707	2302176	1470	ep:MLC8268_16	Mycobacterium leprae MLC8268_17	35.7	69.6	484	integral membrane protein
2436	5920	2302620	2302252	369	pir:A70936	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2175c	43.2	68.8	125	
2437	5921	2302180	2302686	507						
2438	5922	2302834	2304981	2148	ep:AB019394_1	Streptomyces coelicolor A3(2) pkaf	34.2	62.4	684	eukaryotic-type protein kinase

【0349】

【表 125】

第 1-125 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2439	5923	2304984	2306219	1236	gp:MLCB268_21	Mycobacterium leprae MLCB268_23	30.7	58.4	411	integral membrane protein
2440	5924	2306315	2307622	1308	pir:G70936	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	30.4	62.0	434	integral membrane protein
2441	5925	2309083	2307698	1386	gp:AF260581.2	Amycolatopsis mediterranei	66.9	87.9	462	3-deoxy-D-arabino- heptulosonate 7- phosphate synthase
2442	5926	2309677	2309174	504	gp:MLCB268_20	Mycobacterium leprae MLCB268_21c	58.4	77.7	166	integral membrane protein
2443	5927	2309836	2312253	2418	pir:G70936	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	35.1	64.5	428	integral membrane protein
2444	5928	2312361	2313809	1449	sp:CSP1_C0R6L	Corynebacterium glutamicum ATCC 17965 csp1	28.2	57.1	440	PS1 protein precursor
2445	5929	2313834	2314037	204						
2446	5930	2314093	2313917	177						
2447	5931	2314217	2314113	105						
2448	5932	2315424	2314237	1188	sp:YCF1_ECOLI	Escherichia coli K12	20.6	46.3	413	
2449	5933	2316479	2315679	801	sp:PLSC_L1MAL	Limnanthes alba ALBA	26.0	62.7	177	1-acyl-sn-glycerol-3- phosphate
2450	5934	2316481	2316609	129						
2451	5935	2317551	2316583	969	gp:RSICRG_1	Renibacterium salmoninarum g1KA	43.5	74.8	313	glucokinase
2452	5936	2318776	2317634	1143	gp:SC6G10_5	Streptomyces coelicolor A3(2)	50.1	75.7	383	glycosyl transferase
2453	5937	2319851	2318805	1047	sp:P60_LISIV	Listeria ivanovii iap	26.4	60.8	296	protein P60 precursor (invasion-associated- protein)
2454	5938	2320595	2319969	627	sp:P60_LISGR	Listeria grayi iap	33.0	61.3	191	protein P60 precursor (invasion-associated- protein)
2455	5939	2323074	2321473	1602	prf:2503462K	Helicobacterium mobilis petB	34.3	64.7	201	cytochrome b6

【0350】

【表 126】

第 1-126 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2456	5940	2323760	2323089	672	gp:AF107888_1	Streptomyces lividans gcrA	37.9	57.1	203	Rieske iron-sulfur protein
2457	5941	2325196	2324312	885	sp:Y005_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2194_gcrC	58.6	83.1	278	cytochrome c
2458	5942	2325888	2325274	615	sp:COX3_SYNNU	Synechococcus vulcanus	36.7	70.7	188	cytochrome c oxidase subunit III
2459	5943	2326274	2326122	153						
2460	5944	2326901	2326473	429	sp:Y00A_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2199c	38.6	71.0	145	
2461	5945	2327998	2326922	1077	sp:COX2_RHOSH	Rhodobacter sphaeroides ctaC	28.7	53.9	317	cytochrome c oxidase subunit II
2462	5946	2328441	2328557	117						
2463	5947	2328517	2330436	1920	gp:AB029550_1	Corynebacterium glutamicum KY9611 ItsA	99.7	99.8	640	glutamine-dependent amidotransferase or asparagine synthetase
2464	5948	2330928	2330587	342	gp:AB029550_2	Corynebacterium glutamicum KY9611	100.0	100.0	114	
2465	5949	2331201	2331968	768	gp:MLC822_2	Mycobacterium leprae MLC822.07	35.0	60.2	246	
2466	5950	2331975	2332496	522	pir:SS2220	Rhodobacter capsulatus cobP	43.0	64.0	172	cobinamide kinase
2467	5951	2332513	2333601	1089	sp:COBU_PSEDE	Pseudomonas denitrificans cobU	37.8	66.9	341	nicotinate-nucleotide-- dimethylbenzimidazole phosphoribosyltransferase
2468	5952	2333616	2334536	921	sp:COBV_PSEDE	Pseudomonas denitrificans cobV	25.3	49.8	305	cobalamin (5'- phosphate) synthase
2469	5953	2334718	2334482	237						
2470	5954	2335742	2335029	714	prf:2414335A	Streptomyces clavuligerus car	38.59	68.5	241.0	clavulanate-9- $\alpha$ -aldehyde reductase
2471	5955	2337052	2335916	1137	sp:ILVE_MYCTU	Mus musculus 129 BCAT1	40.1	70.3	364	branched-chain amino acid aminotransferase

【0351】

【表 127】

第 1-127 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2472	5956	2337236	2338735	1500	gp:PPU010261_1	Pseudomonas putida ATCC 12633 pepA	36.3	65.9	493	leucyl aminopeptidase
2473	5957	2339141	2338749	393	prf:2110282A	Saccharopolyspora erythraea ORF1	40.2	67.0	97	
2474	5958	2339270	2341294	2025	gpu:AF047034_2	Streptomyces seoulensis pdhB	48.9	68.5	691	dihydrolipoamide acetyltransferase
2475	5959	2341413	2342165	753	gp:AB020975_1	Arabidopsis thaliana	36.7	65.7	210	lipoyltransferase
2476	5960	2342305	2343348	1044	sp:LIPA_PELCA	Peiobacter carbinolicus GRA BD 1	44.6	70.9	285	lipoic acid synthetase
2477	5961	2343480	2344259	780	sp:Y00U_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	45.5	76.7	257	
2478	5962	2344432	2346048	1617	sp:YIDE_EC0LI	Escherichia coli K12	32.9	67.8	559	
2479	5963	2347492	2346290	1203	gpu:AF189147_1	Corynebacterium glutamicum tnp	100.0	100.0	401	ISG2 transposase
2480	5964	2348549	2348079	471	gp:SC5F7_34	Streptomyces coelicolor A3(2)	41.4	63.7	157	
2481	5965	2348830	2350260	1431	prf:2322244A	Corynebacterium glutamicum glnA	99.8	100.0	477	glutamine synthetase I
2482	5966	2350621	2350409	213		Thermotoga maritima MS88 TM1010	36.7	65.6	128	
2483	5967	2351311	2350913	399						
2484	5968	2351910	2351311	600						
2485	5969	2351023	2351997	975						
2486	5970	2351981	2352829	849	sp:LUXA_VIBHA	Vibrio harveyi luxA	25.0	60.9	220	alkanal monooxygenase alpha chain
2487	5971	2352834	2353226	393	pir:A72404	Thermotoga maritima MS88 TM0215	40.5	73.0	111	protein synthesis inhibitor
2488	5972	2353386	2353475	90						
2489	5973	2355043	2353601	1443	sp:THRC_CORGL	Corynebacterium glutamicum thrC	99.6	99.8	481	threonine synthase
2490	5974	2355157	2355399	243						
2491	5975	2355441	2355181	261						
2492	5976	2355522	2356844	1323	prf:2203345H	Escherichia coli hpax	21.9	53.4	433	4-hydroxyphenylacetate permease

【0352】



【表 128】

第 1-128 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2493	5977	2356795	2357355	561	gp:SCGD3_10	Streptomyces coelicolor A3(2)	42.4	72.8	158	transmembrane transport protein
2494	5978	2357485	2357291	195						
2495	5979	2357268	2357708	441	gp:SCGD3_10	Streptomyces coelicolor A3(2)	31.4	66.1	118	transmembrane transport protein
2496	5980	2357727	2358131	405						
2497	5981	2358696	2358154	543						
2498	5982	2359417	2358773	645	sp:HMUO_CORDI	Corynebacterium diphtheriae C7 hmuD	57.9	78.0	214	Heme oxygenase
2499	5983	2361245	2361334	90						
2500	5984	2362749	2359615	3135	gp:SCY17736_4	Streptomyces coelicolor A3(2) glnE	43.4	67.0	809	glutamate-ammonia- ligase
2501	5985	2364156	2362819	1338	sp:GLNA_THEME	Thermotoga maritima MS88 glnA	43.5	73.0	441	glutamine synthetase
2502	5986	2364353	2365456	1104	gp:SCE9_39	Streptomyces coelicolor A3(2)	26.8	54.1	392	
2503	5987	2365588	2367414	1827	sp:Y017_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	33.4	58.2	601	
2504	5988	2367653	2367474	180	gp:SCC75A_11	Streptomyces coelicolor A3(2)	38.9	55.6	54	
2505	5989	2367792	2369084	1293	sp:GAL1_HUMAN	Homo sapiens galK1	24.9	53.7	374	galactokinase 1
2506	5990	2370382	2369117	1266	gp:AF174645_1	Brucella abortus vacB	27.1	54.5	358	virulence-associated protein
2507	5991	2372558	2371413	1146	sp:Y019_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2228c	54.7	75.1	382	
2508	5992	2372562	2373290	729						
2509	5993	2373290	2372574	717	sp:Y01A_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2229c	26.5	58.6	249	
2510	5994	2374463	2373324	1140	sp:Y01B_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2230c	49.2	76.2	378	

【0353】

【表 129】

第 1-129 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2511	5995	2374545	2375198	654	sp:GPH_EC0LI	Escherichia coli K12 gph	26.0	54.4	204	phosphoglycolate phosphatase
2512	5996	2375215	2375685	471	sp:PTPA_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) SCQ11.04c. ptpA	46.2	63.5	156	low molecular weight protein-tyrosine- phosphatase
2513	5997	2375768	2376721	954	sp:Y01G_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	40.9	65.5	281	
2514	5998	2377391	2376999	393	sp:Y121_BURGE	Burkholderia cepacia	32.6	56.6	129	insertion element IS402
2515	5999	2377497	2377640	144						
2516	6000	2377727	2377485	243						
2517	6001	2377900	2378277	378	gp:SC8F4_22	Streptomyces coelicolor A3(2)	30.4	57.8	135	transcriptional regulator
2518	6002	2378293	2378490	198						
2519	6003	2379313	2378885	429	sp:Y01K_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV2239c	55.2	77.6	134	
2520	6004	2380034	2382745	2712	gpu:AF047034_4	Streptomyces seoulensis pdhA	55.9	78.9	910	pyruvate dehydrogenase component
2521	6005	2383616	2382828	789	sp:GLNQ_EC0LI	Escherichia coli K12 glnQ	33.7	62.8	261	glutamine transport ATP-binding protein
2522	6006	2384510	2383623	888	sp:R8SG_BAGSU	Bacillus subtilis 168 rbsC	25.4	58.7	283	ribose transport system permease protein
2523	6007	2385448	2384510	939	pir:H71693	Rickettsia prowazekii Madrid E RP367	26.2	62.9	286	
2524	6008	2386285	2385914	372						
2525	6009	2385772	2386581	810						
2526	6010	2387628	2386615	1014	gp:SC6G4_24	Streptomyces coelicolor A3(2)	29.6	55.7	352	lipase
2527	6011	2387668	2387958	291	sp:ACP_MYXXA	Mycococcus xanthus ATCC 25232 acpP	42.7	80.0	75	acyl carrier protein
2528	6012	2387998	2388822	825	sp:NAGD_EC0LI	Escherichia coli K12 nagD	43.9	75.5	253	GlcNAc phosphate deacetylase
2529	6013	2388839	2389870	1032	gp:AE001968_4	Deinococcus radiodurans DR1192	33.6	65.7	289	regulatory protein WclA

【0354】

【表 130】

第 1-130 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2530	6014	2390905	2390435	471						
2531	6015	2392009	2391185	825	ep:SC4A7_8	Streptomyces coelicolor A3(2)	52.4	75.3	271	
2532	6016	2392567	2392076	492						
2533	6017	2393350	2392580	771						
2534	6018	2393426	2393971	546						
2535	6019	2394438	2393974	465						
2536	6020	2394595	2394936	342						
2537	6021	2395205	2396764	1560	sp:PPBD_BAGSU	Bacillus subtilis 168 phoB	34.2	64.7	530	alkaline phosphatase D precursor
2538	6022	2397123	2397242	120						
2539	6023	2397265	2399100	1836	ep:SC151_17	Streptomyces coelicolor A3(2)	44.4	73.1	594	
2540	6024	2399159	2399398	240	pir:G70661	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	41.2	72.1	68	
2541	6025	2401304	2399406	1899	prf:24133308	Mycobacterium smegmatis dnaG	59.1	82.9	633	DNA primase
2542	6026	2401374	2401835	462	ep:XU39467_1	Streptomyces aureofaciens BMK	49.0	67.4	98	ribonuclease Sa
2543	6027	2401839	2402081	243						
2544	6028	2404013	2402145	1869	ep:AF058788_1	Mycobacterium smegmatis mc2155 glms	59.1	82.2	636	L-glutamine:D-fructose- 6-phosphate
2545	6029	2404356	2404186	171						
2546	6030	2406259	2404988	1272	prf:2413330A	Mycobacterium smegmatis dgt	54.6	76.3	414	deoxyguanosinetriphosph ate triphosphohydrolase
2547	6031	2406937	2406263	675	epu:NMA172491_235	Neisseria meningitidis NMA0251	30.4	59.7	171	periplasmic protein
2548	6032	2406807	2406965	159						
2549	6033	2406994	2409030	2037	pir:870662	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	31.1	63.6	692	membrane protein
2550	6034	2409285	2409154	132						
2551	6035	2409769	2409626	144						
2552	6036	2410265	2409780	486	epu:AE003565_26	Drosophila melanogaster CG10592	24.6	54.4	138	

【0355】

【表 131】

第 1-131 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2553	6037	2410862	2410281	582						
2554	6038	2412339	2410957	1383	pir:S58522	Thermus aquaticus HB8	46.1	69.9	508	glycyl-tRNA synthetase
2555	6039	2412581	2412949	369	pir:E70585	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2358_furB	49.4	73.0	89	
2556	6040	2413121	2412990	132						
2557	6041	2412993	2413424	432	sp:FUR_EC01.1	Escherichia coli K12 fur	34.9	70.5	132	ferric uptake regulation protein
2558	6042	2413376	2413128	249						
2559	6043	2413569	2415119	1551	pir:A70539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1128c	24.8	46.7	529	
2560	6044	2415236	2415132	105						
2561	6045	2416090	2415299	792	gp:AF162938_1	Streptomyces coelicolor A3(2) h3u	40.6	67.0	224	
2562	6046	2417100	2416372	729	sp:UPPS_M1CLU	Micrococcus luteus B-P 26 upps	43.4	71.2	233	undecaprenyl diphosphate synthase
2563	6047	2417948	2417223	726	pir:A70586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2362c	45.7	74.3	245	
2564	6048	2418884	2417970	915	gp:AF072811_1	Streptococcus pneumoniae era	39.5	70.3	296	gTPase Era
2565	6049	2420310	2418991	1320	sp:Y1DE_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	52.8	82.4	432	
2566	6050	2420901	2420314	588	sp:Y1DD_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2367c	65.0	86.0	157	
2567	6051	2421950	2420901	1050	sp:PHOL_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2368c_phoH	61.1	84.6	344	phosphate starvation inducible protein
2568	6052	2422698	2421976	723	gp:SCG77_19	Streptomyces coelicolor A3(2)	44.0	75.4	248	
2569	6053	2423846	2422701	1146	prf:2421342B	Streptomyces albus	47.1	77.4	380	heat shock protein
2570	6054	2424938	2423916	1023	prf:2421342A	Streptomyces albus	48.2	79.6	334	groEL repressor

【0356】

【表 132】

第 1-132 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2571	6055	2425955	2424966	990	prf:2318256A	Bacillus stearothermophilus	33.1	64.1	320	coproporphyrinogen III oxidase
2572	6056	2426182	2426700	519	sp:AGA1_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YNR044W	36.6	64.9	134	agglutinin attachment subunit precursor
2573	6057	2427469	2426777	693						
2574	6058	2428185	2427808	378						
2575	6059	2430029	2428185	1845	gp:SC6G10_4	Streptomyces coelicolor A3(2)	48.0	75.1	611	long chain fatty acid CoA ligase
2576	6060	2430297	2432414	2118	sp:WALQ_ECOLI	Escherichia coli K12	28.3	55.4	738	4-alpha-
2577	6061	2432509	2434371	1863	gp:AB005752_1	Lactobacillus brevis plasmid hcrA	29.5	64.4	604	ABC transporter, Hop- Resistance protein
2578	6062	2434620	2434441	180						
2579	6063	2434777	2434574	204						
2580	6064	2436839	2434806	2034	sp:DCP_SALTY	Salmonella typhimurium dcp	40.3	68.3	690	peptidyl-dipeptidase
2581	6065	2436921	2436832	90						
2582	6066	2436872	2438050	1179	gp:AF064523_1	Anisophteromalus	24.1	45.7	453	anisophteromalus
2583	6067	2438114	2439907	1794	pir:G70983	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	65.2	84.9	594	glycosyl hydrolase
2584	6068	2439907	2440995	1089	pir:H70983	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	32.1	58.8	449	
2585	6069	2441590	2441006	585	pir:T07979	Chlamydomonas reinhardtii ipi1	31.8	57.7	189	isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase
2586	6070	2441670	2441891	222						
2587	6071	2443357	2441603	1755						
2588	6072	2444016	2443357	660						
2589	6073	2444552	2444034	519						
2590	6074	2444736	2445710	975	gp:CORCSLYS_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 accD	99.4	100.0	325	beta C-S lyase
2591	6075	2445717	2446994	1278	sp:BRNQ_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 brnG	99.8	100.0	426	branched-chain amino acid transport system carrier protein

【0357】

【表 133】

第 1-133 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2592	6076	2447022	2447999	978	sp:LUXA_VIBHA	Vibrio harveyi luxA	21.6	49.0	343	alkanal monooxygenase alpha chain
2593	6077	2450173	2448329	1845	prf:25012958	Corynebacterium glutamicum ATCC13032	100.0	100.0	615	ectoine/Pro/Gly betaine carrier
2594	6078	2450845	2450324	522						
2595	6079	2451786	2450860	927	sp:AF155772_2	Sinorhizobium meliloti indol	25.9	60.5	324	malonate transporter
2596	6080	2454638	2451795	2844	sp:GLCD_ECOLI	Escherichia coli K12	27.7	55.1	483	glycolate oxidase
2597	6081	2454817	2454638	180						
2598	6082	2454726	2455436	711	sp:YDFH_ECOLI	Escherichia coli K12	25.6	65.0	203	transcriptional
2599	6083	2455734	2455453	282						
2600	6084	2457067	2455721	1347	sp:YGIK_SALTY	Salmonella typhimurium ygiK	22.5	57.6	467	
2601	6085	2457760	2457338	423						
2602	6086	2457864	2459372	1509	sp:HBPA_HAEIN	Haemophilus influenzae Rd H10853, hbpa	27.5	55.5	546	heme-binding protein A precursor (hemin- binding lipoprotein)
2603	6087	2459372	2460337	966	sp:APPB_BACSU	Bacillus subtilis 168 appB	40.0	73.3	315	oligopeptide ABC transporter (permease)
2604	6088	2460341	2461168	828	sp:DPPC_ECOLI	Escherichia coli K12 dppC	43.2	74.5	271	dipeptide transport system permease protein
2605	6089	2461164	2462600	1437	prf:2306258MR	Escherichia coli K12 oppD	37.4	66.4	372	oligopeptide transport ATP-binding protein
2606	6090	2463151	2462603	549	pir:D70367	Aquifex aeolicus VF5 aq_768	29.3	58.0	157	
2607	6091	2463242	2464144	903	prf:2514301A	Rhizobium etli rbsK	41.0	65.0	300	Ribose kinase
2608	6092	2464270	2464160	111						
2609	6093	2464379	2464486	108						
2610	6094	2464345	2465769	1425	sp:SCW2_16	Streptomyces coelicolor A3(2)	39.9	64.6	466	integral membrane protein
2611	6095	2466998	2466039	960	sp:NTCI_HUMAN	Homo sapiens ILEUM	31.3	61.6	284	ileal sodium-dependent bile acid transporter
2612	6096	2467078	2467923	846	sp:AF195243_1	Chlamydomonas reinhardtii	28.5	51.2	295	apospory-associated protein C

【0358】

【表 134】

第 1-134 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2613	6097	2470142	2467926	2217	pir:140715	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 aceB	100.0	100.0	739	malate synthase
2614	6098	2470180	2470278	99						
2615	6099	2470741	2472036	1296	pir:140713	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 aceA	100.0	100.0	432	isocitrate lyase
2616	6100	2472251	2472820	570	sp:THIX_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 thiX	100.0	100.0	133	thiamine biosynthesis protein x
2617	6101	2473481	2472894	588	sp:V666_BPMD	Mycobacteriophage D29	42.6	65.5	197	gene 66 protein
2618	6102	2473654	2475543	1890	sp:8ETP_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 betP	39.8	71.7	601	glycine betaine transporter
2619	6103	2476119	2475841	279						
2620	6104	2476498	2477493	996						
2621	6105	2477645	2479252	1608						
2622	6106	2479380	2479763	384						
2623	6107	2481209	2479899	1311	prf:2320266C	Rhodobacter capsulatus dctM	34.6	71.9	448	large integral membrane transport protein
2624	6108	2481693	2481214	480	ep:AF186091_1	Klebsiella pneumoniae dctO	33.9	73.7	118	small integral C4- dicarboxylate membrane transport protein
2625	6109	2482481	2481735	747	sp:DCTP_RHOCA	Rhodobacter capsulatus B10 dctP	28.2	59.0	227	C4-dicarboxylate- binding periplasmic protein precursor
2626	6110	2484393	2482549	1845	sp:LEPA_BACSU	Bacillus subtilis 168 lepA	58.7	83.6	603	GTP-binding protein
2627	6111	2484662	2485270	609	pir:H70683	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	41.6	69.7	185	
2628	6112	2485474	2485734	261	sp:RS20_EC0L1	Escherichia coli K12	48.2	72.9	85	30S ribosomal protein
2629	6113	2486470	2485802	669	sp:RHIC_EC0L1	Escherichia coli K12	30.0	67.1	210	threonine efflux
2630	6114	2486882	2486478	405	ep:SC607_25	Streptomyces coelicolor A3(2)	61.2	80.6	129	ankyrin-like protein

【0359】

【表 135】

第 1-135 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2631	6115	2487885	2486911	975	pir:H70684	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2413c	46.0	74.1	313	
2632	6116	2489451	2487913	1539	sp:CME3_BACSU	Bacillus subtilis 168 comEC	21.4	49.7	527	comE operon protein 3
2633	6117	2490155	2489574	582	sp:CME1_BACSU	Bacillus subtilis 168 comEA	30.8	63.6	195	comE operon protein 1
2634	6118	2491112	2490291	822	ep:SCC123_7	Streptomyces coelicolor A3(2)	34.8	66.3	273	
2635	6119	2490912	2491733	822						
2636	6120	2491859	2491152	708	pir:F70685	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2419c	46.8	66.4	235	phosphoglycerate mutase 2
2637	6121	2492344	2491874	471	pir:G70685	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2420c	55.6	86.3	117	
2638	6122	2493179	2492502	678	ep:SCC123_17	Streptomyces coelicolor A3(2)	68.0	85.3	197	
2639	6123	2494238	2493216	1023						
2640	6124	2495635	2494340	1296	sp:PROA_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 17965 proA	99.1	99.8	432	gamma-glutamyl phosphate reductase
2641	6125	2496608	2495697	912	sp:YPRA_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 17965 unkdh	99.3	100.0	304	D-isomer specific 2- hydroxyacid dehydrogenases
2642	6126	2497777	2496671	1107	sp:PROB_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 17965 proB	100.0	100.0	369	glutamate 5-kinase
2643	6127	2499512	2498010	1503	ep:D87915_1	Streptomyces coelicolor A3(2) obg	58.9	78.2	487	GTP-binding protein
2644	6128	2499784	2501670	1887	sp:PBUX_BACSU	Bacillus subtilis 168 pbuX	39.1	77.3	422	xanthine permease
2645	6129	2502578	2501736	843	pir:140838	Corynebacterium sp. ATCC 31090	61.2	81.9	276	2,5-diketo-D-gluconic acid reductase

【0360】



【表 136】

第 1-136 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2646	6130	2502336	2503356	621						
2647	6131	2503871	2504266	396						
2648	6132	2504248	2503985	264	sp:RL27_STRGR	Streptomyces griseus IFO 13189 rpmA	80.3	92.6	81	50S ribosomal protein L27
2649	6133	2504603	2504301	303	prf:2304263A	Streptomyces griseus IFO13189 obg	56.4	82.2	101	50S ribosomal protein L21
2650	6134	2507099	2504832	2268	sp:RME_ECOLI	Escherichia coli K12	30.1	56.6	886	ribonuclease E
2651	6135	2508095	2508841	747						
2652	6136	2508923	2509531	609	ap:SCF76_8	Streptomyces coelicolor A3(2)	61.0	82.6	195	
2653	6137	2510831	2509524	1308	pir:S43613	Corynebacterium glutamicum ATCC31831	99.1	100.0	436	transposase (insertion sequence IS31831)
2654	6138	2511047	2511424	378	ap:SCF76_8	Streptomyces coelicolor A3(2)	51.3	76.9	117	
2655	6139	2511428	2511877	450	ap:SCF76_9	Streptomyces coelicolor A3(2)	37.8	67.8	143	
2656	6140	2512357	2511950	408	ap:AF069544_1	Mycobacterium smegmatis ndk	70.9	89.6	134	nucleoside diphosphate kinase
2657	6141	2512769	2512410	360						
2658	6142	2512804	2513145	342	ap:AE002024_10	Deinococcus radiodurans DR1844	34.8	67.4	92	
2659	6143	2513619	2513155	465	pir:H70515	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1883c	36.6	64.3	112	
2660	6144	2514115	2513693	423	pir:E70863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv246c	33.9	68.6	118	
2661	6145	2515488	2514115	1374	prf:24102528	Streptomyces coelicolor A3(2) folC	55.4	79.6	451	folyl-poly(Glu) synthetase
2662	6146	2518337	2515638	2700	sp:SYV_BACSU	Bacillus subtilis 168 bals	45.5	72.1	915	valyl-tRNA synthetase
2663	6147	2519973	2518399	1575	pir:A38447	Bacillus subtilis 168 oppA	24.2	58.5	521	oligopeptide ABC transport system substrate-binding

【0361】

【表 137】

第 1-137 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2664	6148	2520210	2521661	1452	sp:DNAK_BAGSU	<i>Bacillus subtilis</i> 168 dnaK	26.2	54.9	508	heat shock protein 70
2665	6149	2522252	2521668	585	ep:ECU89166_1	<i>Eikenella corrodens</i> ATCC 23824	42.9	71.2	170	lysine decarboxylase
2666	6150	2523249	2522266	984	sp:MDH_THEFL	<i>Thermus aquaticus</i> ATCC 33923 mdh	56.4	76.5	319	malate dehydrogenase
2667	6151	2523562	2524338	777	ep:SCA10_33	<i>Streptomyces</i> coelicolor A3(2)	24.6	56.5	207	transcriptional regulator
2668	6152	2524916	2524341	576	ep:AF055442_1	<i>Vibrio cholerae</i> aphA	26.0	51.4	208	
2669	6153	2525100	2526227	1128	prf:2513416F	<i>Acinetobacter</i> sp.	39.5	68.6	357	vanillate demethylase
2670	6154	2526234	2527208	975	ep:FSU12290_2	<i>Sphingomonas flava</i> ATCC 39723 pcpD	32.8	59.2	338	pentachlorophenol 4- monooxygenase reductase
2671	6155	2527136	2528560	1425	prf:25134166	<i>Acinetobacter</i> sp.	40.8	76.8	444	transport protein
2672	6156	2529481	2528552	930	ep:KPI95087_7	<i>Klebsiella pneumoniae</i> mdeF	28.0	58.4	286	malonate transporter
2673	6157	2530762	2529485	1278	prf:2303274A	<i>Bacillus subtilis</i> clpX	59.8	85.8	430	class-III heat-shock protein or ATP- dependent protease
2674	6158	2530892	2531977	1086	ep:SCF55_28	<i>Streptomyces</i> coelicolor A3(2)	45.6	73.0	366	
2675	6159	2532602	2531970	633	ep:AF109386_2	<i>Streptomyces</i> sp. 2065 pcaJ	63.3	85.7	210	succinyl CoA:3- oxoadipate CoA transferase beta
2676	6160	2533354	2532605	750	ep:AF109386_1	<i>Streptomyces</i> sp. 2065 pcaI	60.2	84.5	251	succinyl CoA:3- oxoadipate CoA transferase alpha
2677	6161	2533392	2534183	792	prf:2408324F	<i>Rhodococcus opacus</i> TCP pcaR	58.2	82.5	251	protocatechuate catabolic protein
2678	6162	2534202	2535425	1224	prf:2411305D	<i>Raistonia eutropha</i>	44.8	71.9	406	beta-ketothiolase
2679	6163	2535431	2536183	753	prf:2408324E	<i>Rhodococcus opacus</i> pcaL	50.8	76.6	256	3-oxoadipate enol- lactone hydrolase/4- carboxymuconolactone decarboxylase

【0362】

【表 138】

第 1-138 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2680	6164	2536197	2538257	2061	gp:SCM1_10	Streptomyces coelicolor A3(2)	23.6	43.0	825	transcriptional regulatory protein
2681	6165	2538614	2538249	366	prf:2408324E	Rhodococcus opacus pcaL	78.3	89.6	115	3-oxoadipate enol- lactone hydrolase/4- carboxymuconolactone decarboxylase
2682	6166	2539732	2538617	1116	prf:2408324D	Rhodococcus opacus pcaB	39.8	63.4	437	3-carboxy-cis,cis- muconate cycloisomerase
2683	6167	2540321	2539710	612	prf:2408324C	Rhodococcus opacus pcaG	49.5	70.6	214	protocatechuate dioxxygenase alpha
2684	6168	2541025	2540336	690	prf:2408324B	Rhodococcus opacus pcaH	74.7	91.2	217	protocatechuate dioxxygenase beta
2685	6169	2542351	2541188	1164	pir:G70506	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	26.4	48.7	273	
2686	6170	2542803	2542513	291	prf:2515333B	Mycobacterium tuberculosis catC	54.4	81.5	92	muconolactone isomerase
2687	6171	2543937	2542819	1119	sp:CATB_RH00P	Rhodococcus opacus 10P catB	60.8	84.7	372	muconate cycloisomerase
2688	6172	2544877	2544023	855	prf:2503218A	Rhodococcus rhodochrous catA	72.3	88.4	285	catechol 1,2- dioxxygenase
2689	6173	2545069	2544929	141						
2690	6174	2545316	2546785	1470	gp:AF134348_1	Pseudomonas putida plasmid pDK1 xyIX	62.2	85.6	437	toluate 1,2 dioxxygenase subunit
2691	6175	2546828	2547319	492	gp:AF134348_2	Pseudomonas putida plasmid pDK1 xyIY	60.3	83.2	161	toluate 1,2-dioxxygenase subunit
2692	6176	2547334	2548869	1536	gp:AF134348_3	Pseudomonas putida plasmid pDK1 xyIZ	51.5	81.0	342	toluate 1,2 dioxxygenase subunit
2693	6177	2548869	2549696	828	gp:AF134348_4	Pseudomonas putida plasmid pDK1 xyIL	30.7	61.4	277	1,2-dihydroxycyclohexa- 3,5-diene carboxylate dehydrogenase
2694	6178	2549772	2552456	2685	gp:REU95170_1	Rhodococcus erythropolis thcG	23.3	48.6	979	regulator of LuxR family with ATP-binding
2695	6179	2552564	2553943	1380	sp:PCAK_ACICA	Acinetobacter calcoaceticus pcaK	31.3	64.4	435	4-hydroxybenzoate transporter

【0363】

【表 139】

第 1-139 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2696	6180	2554027	2555268	1242	sp: BENE_ACICA	Acinetobacter calcoaceticus benE	29.9	66.2	388	benzoate membrane transport protein
2697	6181	2555941	2555318	624	gp: AF071885_2	Streptomyces coelicolor M145 c1pP2	69.5	88.3	197	ATP-dependent Clp protease proteolytic
2698	6182	2556581	2555979	603	gp: AF071885_1	Streptomyces coelicolor M145 c1pP1	62.1	85.9	198	ATP-dependent Clp protease proteolytic
2699	6183	2556600	2556749	150	gpi: S1S243537_4	Sulfolobus islandicus ORF154	42.9	71.4	42	
2700	6184	2558107	2556761	1347	sp: T1G_BAGSU	Bacillus subtilis 168	32.1	66.4	417	trigger factor
2701	6185	2558610	2559104	495	gp: S0D25_17	Streptomyces coelicolor A3(2)	32.5	63.1	160	
2702	6186	2559158	2560132	975	sp: PBP4_NOCIA	Nocardia lactamdurans LC411 pbp	25.3	50.9	336	penicillin-binding protein 4
2703	6187	2560132	2560587	456	prf: 2301342A	Mus musculus Moa1	27.8	58.3	115	ocular albanism 1
2704	6188	2561116	2561364	249						
2705	6189	2561821	2561484	438	prf: 2513302C	Corynebacterium striatum ORF1	54.2	73.2	142	transposase
2706	6190	2562094	2562243	150						
2707	6191	2562342	2562079	264	prf: 2513302C	Corynebacterium striatum ORF1	50.7	78.7	75	
2708	6192	2562777	2562388	390						
2709	6193	2562830	2562717	114						
2710	6194	2562964	2563848	885						
2711	6195	2564403	2563933	471	sp: LAB_STAAU	Staphylococcus aureus NCTC 8325-4 lacB	40.0	71.4	140	galactose-6-phosphate isomerase
2712	6196	2565246	2564551	695	sp: YANY_BACAD	Bacillus acidophilus lyluticus ORF2	26.2	58.1	248	membrane protein
2713	6197	2565477	2565575	99						
2714	6198	2566232	2565624	609	pir: A70866	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2466c	56.8	80.9	199	
2715	6199	2566346	2568946	2601	sp: AMPN_STRL I	Streptomyces lividans pepN	47.5	70.5	890	aminopeptidase N
2716	6200	2569002	2569106	105						

【0364】

【表 140】

第 1-140 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2717	6201	2569212	2570294	1083	pir:B70206	Borrelia burgdorferi B80852	25.1	58.1	358	
2718	6202	2571461	2570310	1152						
2719	6203	2571511	2572176	666						
2720	6204	2572194	2572349	156						
2721	6205	2572678	2572352	327	gpc:AF139916_3	Brevibacterium linens crtI	61.5	81.7	104	phytoene desaturase
2722	6206	2572978	2572808	171						
2723	6207	2573865	2572660	1206	sp:CRJT_MYXA	Mycoccus xanthus DK1050 carA2	31.2	63.8	381	phytoene dehydrogenase
2724	6208	2574719	2573844	876	sp:CRTB_STRGR	Streptomyces griseus JA9333 crtB	31.4	58.6	290	phytoene synthase
2725	6209	2575899	2574781	1119	gp:LMAJ9627_3	Listeria monocytogenes 1118	25.8	47.7	392	multidrug resistance protein
2726	6210	2577214	2575982	1233						
2727	6211	2578873	2577233	1641	gp:SYOATPBP_2	Synechococcus	41.3	71.6	538	ATP-binding protein
2728	6212	2579761	2578880	882	sp:DPPC_BACFI	Bacillus firmus OF4 dppC	38.8	73.8	286	di-peptide transport permease protein
2729	6213	2580708	2579770	939	pir:S47696	Escherichia coli K12 nikB	33.2	62.0	316	nickel transport system permease protein
2730	6214	2582418	2580712	1707						
2731	6215	2582565	2584505	1941						
2732	6216	2584614	2585927	1314	sp:ARGD_COR8L	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 argD	31.4	63.5	411	acetylornithine aminotransferase
2733	6217	2586181	2587764	1584	pir:A70539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1128c	25.1	47.9	482	
2734	6218	2587977	2588723	747	sp:YA26_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	49.1	79.4	218	
2735	6219	2589433	2588726	708	sp:PHBB_CHRVI	Chromatium vinosum D	28.1	60.0	235	Acetoacetyl CoA
2736	6220	2589566	2590303	738	gp:NC4683	Streptomyces coelicolor actII	26.7	55.0	240	tetracycline repressor

【0365】

【表 141】

第 1-141 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2737	6221	2591470	2590313	1158	gp:AF126953_1	Corynebacterium glutamicum AS019 metB	99.7	100.0	386	cystathionine gamma- synthase
2738	6222	2592366	2591575	792	gp:AF106002_1	Pseudomonas putida GM73 ttg2A	31.1	65.1	238	toluene tolerance protein
2739	6223	2592403	2592795	393	gp:ML081610_9	Mycobacterium leprae ML081610_14c	53.2	77.0	126	globin
2740	6224	2592839	2593966	1128	sp:CHRA_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa plasmid pUM505 chrA	27.3	60.4	396	chromate transport protein
2741	6225	2594595	2593969	627	pir:A70867	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2474c	37.8	68.9	196	
2742	6226	2595062	2594598	465	gp:SC6010_19	Streptomyces coelicolor A3(2)	36.2	61.4	127	
2743	6227	2595809	2595189	621						
2744	6228	2595984	2595823	162	pir:B72589	Aeropyrum pernix K1 APE1182	36.4	60.0	55	
2745	6229	2597716	2596049	1668	sp:YUJK_EC0L1	Escherichia coli K-12 yjk	52.8	79.6	563	ABC-transporterATP binding protein
2746	6230	2598506	2598601	96						
2747	6231	2598484	2597870	615	pir:E70867	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2478c	31.4	62.2	172	
2748	6232	2600765	2598663	2103	sp:Y05L_MYOLE	Mycobacterium leprae	28.0	56.7	700	
2749	6233	2601462	2602880	1419	pir:C69676	Bacillus subtilis phoB	28.0	52.6	536	alkaline phosphatase III precursor
2750	6234	2602938	2603036	99						
2751	6235	2604584	2603946	639						
2752	6236	2604574	2605503	930						
2753	6237	2605521	2604610	912	sp:MSGG_STRNU	Streptococcus mutans INGBR11T msmf	39.1	76.3	279	multiple sugar-binding transport system permease protein
2754	6238	2606370	2605528	843	sp:MSUF_STRNU	Streptococcus mutans INGBR11T msmf	27.4	67.5	292	multiple sugar-binding transport system permease protein

【0366】

【表 142】

第 1-142 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2755	6239	2607890	2606562	1329	prf:2206392C	Thermotoga thermophilus thermosul_001	28.8	63.2	462	maltose-binding protein
2756	6240	2606445	2608118	1674						
2757	6241	2609427	2608186	1242						
2758	6242	2610640	2609513	1128	prf:2308356A	Streptomyces reticuli msi_K	59.1	79.8	386	ATP binding protein
2759	6243	2611532	2610849	684	prf:2317468A	Schizosaccharomyces pombe_d01	37.7	72.7	154	dolichol phosphate mannose synthase
2760	6244	2611524	2612273	750						
2761	6245	2612463	2613152	690						
2762	6246	2613713	2614501	789	prf:2516398E	Rhodococcus	67.2	89.4	207	aldehyde dehydrogenase
2763	6247	2614650	2615411	762	prf:2513418A	Synechococcus sp. PCC7942_gma	48.6	73.8	183	circadian phase modifier
2764	6248	2617121	2615940	1182	pir:A72312	Thermotoga maritima MS88_TM0964	35.0	64.6	412	
2765	6249	2617247	2617996	750	sp:GIP_ECOLI	Escherichia coli K-12 gip	41.2	69.4	255	glyoxylate-induced protein
2766	6250	2618073	2618870	798	ep:Z95556	Rhodobacter sp. DSNZ 12077	34.8	64.2	201	D-beta-hydroxybutyrate dehydrogenase
2767	6251	2618883	2619539	657	sp:ORN_ECOLI	Escherichia coli K-12 orn	48.0	78.8	179	oligoribonuclease
2768	6252	2620729	2619542	1188	prf:2409378A	Salmonella enterica iroD	26.0	50.9	454	ferric enterochelin esterase
2769	6253	2622182	2620974	1209	pir:C70870	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV2518c_1ppS	48.5	71.9	398	
2770	6254	2622759	2622658	102						
2771	6255	2622962	2623606	645						
2772	6256	2623771	2623622	150						
2773	6257	2623804	2624049	246						
2774	6258	2625359	2624052	1308	ep:SCU53587_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 21086	99.5	99.8	436	IS1207, transposase
2775	6259	2625601	2625807	207						
2776	6260	2626448	2625810	639						

【0367】

【表 143】

第 1-143 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2777	6261	2628122	2626494	1629	sp:GLSK_RAT	Rattus norvegicus SPRAGUE-DAWLEY KIDNEY	35.2	69.3	358	glutaminase
2778	6262	2627925	2628377	453	gp:AF085239_1	Salmonella typhimurium KP1001 cyr	32.8	63.4	131	transcriptional regulator
2779	6263	2628879	2628325	555						
2780	6264	2628927	2630480	1554	sp:UXAC_ECOLI	Escherichia coli K12 luxAC	29.0	60.9	335	uronate isomerase
2781	6265	2630951	2630829	123						
2782	6266	2630637	2631137	501						
2783	6267	2631271	2632467	1197	prf:18144520	Zea diploperennis perennial teosinte	32.0	45.0	291	Hyp-rich glycoprotein
2784	6268	2632544	2633101	558	prf:2324444A	Mycobacterium avium	48.1	74.6	185	pyrazinamidase
2785	6269	2633419	2633147	273	pir:E70870	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2520c	42.7	80.0	75	
2786	6270	2633601	2634065	465	sp:BCP_ECOLI	Escherichia coli K12 bcp	46.8	73.8	141	bacterioferritin comigratory protein
2787	6271	2634117	2634752	636	gp:SC111_1	Streptomyces coelicolor A3(2)	32.5	61.4	114	tetr-family transcriptional
2788	6272	2635212	2634748	465	gp:8AY15081_1	Corynebacterium ammoniaenes ATCC6871 ppt1	56.6	75.9	145	phosphopantethiene protein transferase
2789	6273	2636590	2635166	1425	gpu:AF237667_1	Corynebacterium glutamicum ImrB	52.4	85.6	473	lincomycin resistance protein
2790	6274	2636715	2636846	132						
2791	6275	2636846	2637169	324	pir:S76537	Synechocystis sp. PCC 6803	30.1	54.0	113	
2792	6276	2637654	2637241	414						
2793	6277	2637865	2637767	99						
2794	6278	2647628	2638650	8979	pir:S2047	Brevibacterium ammoniaenes FAS	62.3	83.6	3029	fatty acid synthetase
2795	6279	2647754	2647846	93						
2796	6280	2648156	2647923	234						

【0368】



【表 144】

第 1-144 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2797	6281	2649417	2648236	1182	gp:SC4A7_14	Streptomyces coelicolor A3(2)	25.3	55.2	404	
2798	6282	2649551	2650165	615	pir:D70716	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0950c	40.4	60.9	230	
2799	6283	2650442	2650903	462	sp:Y077_MYCT	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1343c	40.2	67.9	112	
2800	6284	2650872	2651012	141						
2801	6285	2650987	2651340	354	sp:Y076_MYCLE	Mycobacterium leprae B1549 F2_59	37.2	69.0	113	
2802	6286	2652038	2651421	618	sp:Y030_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	55.0	76.7	202	
2803	6287	2652802	2652068	735	sp:RNPH_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa ATCC 15692	60.2	81.4	236	ribonuclease PH
2804	6288	2652917	2653018	102						
2805	6289	2653255	2653010	246						
2806	6290	2654019	2653327	693						
2807	6291	2654661	2654080	582						
2808	6292	2654722	2654862	141						
2809	6293	2656237	2654876	1362	sp:Y029_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv SC8A6_09c	29.0	58.2	428	
2810	6294	2656453	2656986	534	gp:AF121000_8	Corynebacterium glutamicum 22243 R- plasmid pAG1 tnpB	92.1	97.2		IS1628 transposase
2811	6295	2657634	2656975	660						
2812	6296	2658501	2657737	765	sp:Y030_MYCLE	Mycobacterium leprae	46.0	74.4	250	Arylsulfatase
2813	6297	2659458	2658607	852	prf:2516259A	Corynebacterium glutamicum ATCC13869	99.3	99.3	284	D-glutamate racemase
2814	6298	2659741	2659535	207						
2815	6299	2659497	2660132	636						
2816	6300	2660639	2660148	492	gpu:SCE22_22	Streptomyces coelicolor A3(2)	44.2	70.8	147	MarR-family transcriptional

【0369】

【表 145】

第 1-145 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2817	6301	2661418	2660672	747	sp:Y03M_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	38.2	69.3	225	
2818	6302	2662377	2661418	960	pir:A47039	Flavobacterium sp. ny1C	30.2	58.3	321	endo-type 6- aminohexanoate oligomer
2819	6303	2662868	2662332	537	sp:Y03H_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	35.0	58.5	200	
2820	6304	2663183	2662884	300	sp:Y03G_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	57.1	77.1	105	
2821	6305	2663438	2664061	624						
2822	6306	2664061	2665398	1338	sp:Y03F_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1330c	61.2	80.8	428	
2823	6307	2665426	2665611	186						
2824	6308	2666116	2667855	1740	prf:1816252A	Escherichia coli d1nG	25.2	53.3	647	ATP-dependent helicase
2825	6309	2668761	2667871	891	sp:Y0A8_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	29.7	60.1	313	
2826	6310	2669562	2668840	723						
2827	6311	2670574	2669558	1017	sp:SERB_EC011	Escherichia coli K12 serB	53.8	78.1		phosphoserine phosphatase
2828	6312	2672806	2671064	1743	pir:D45335	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3043c	46.8	74.4		cytochrome-c oxidase chain 1
2829	6313	2674340	2673339	1002	gp:AF112536_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ncdf	99.7	99.7	334	ribonucleotide reductase beta-chain
2830	6314	2674805	2675290	486	sp:FTNA_EC011	Escherichia coli K12 ftnA	31.5	64.2	159	ferritin 1
2831	6315	2675492	2676241	750	gp:SCA32WH1H_4	Streptomyces coelicolor A3(2) wh1H	32.8	60.2	256	sporulation transcription factor
2832	6316	2676903	2676244	660	pir:140339	Corynebacterium glutamicum ATCC 13869 dtxr	27.6	60.4	225	diphtheria toxin repressor
2833	6317	2677194	2676919	276	pir:C69281	Archaeoglobus fulgidus AF0251	50.0	86.0	50	

【0370】

【表 146】

第 1-146 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2834	6318	2676941	2677378	438	sp:TIR2_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YPH148	24.2	62.1	124	cold shock protein TIR2 precursor
2835	6319	2679599	2677479	2121	ep:AF112535_3	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 nrde	99.9	100.0	707	ribonucleotide reductase alpha-chain
2836	6320	2680128	2679685	444	ep:AF112535_2	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 nrde	100.0	100.0	148	ribonucleotide reductase
2837	6321	2680373	2680266	108						
2838	6322	2680650	2680420	231	ep:AF112535_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 nrde	100.0	100.0	77	glutaredoxin
2839	6323	2680471	2680785	315						
2840	6324	2681058	2680957	102						
2841	6325	2681557	2681465	93						
2842	6326	2681547	2682377	831	sp:NADE_BACSU	Bacillus subtilis 168 nade	55.6	78.1	279	NH(3)-dependent NAD(+) synthetase
2843	6327	2683126	2682380	747	pir:S76790	Synechocystis sp. PCC6803 slr1563	30.7	56.4	257	
2844	6328	2683419	2683132	288	pir:G70922	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	41.7	68.8	96	
2845	6329	2683120	2683617	498						
2846	6330	2684647	2683628	1020	sp:ADH2_BACST	Bacillus stearothermophilus DSM 2334 adh	26.1	52.8	337	alcohol dehydrogenase
2847	6331	2684920	2686290	1371	sp:MMGE_BACSU	Bacillus subtilis 168 mmge	27.0	56.0	459	
2848	6332	2686316	2687149	834	pir:T05174	Arabidopsis thaliana cultivar Tsk22.50	33.8	66.2	284	
2849	6333	2688241	2687450	792						
2850	6334	2690051	2688390	1662	sp:PGHU_ECOLI	Escherichia coli K12	61.7	80.6	556	phosphoglucomutase
2851	6335	2690151	2690438	288	pir:F70650	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	41.7	64.3	84	

【0371】

【表 147】

第 1-147 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2852	6336	2690438	2690761	324	pir:D71843	Helicobacter pylori J99 Jnp1146	25.4	61.5	122	
2853	6337	2690774	2691565	792	sp:YCS1_BAGSU	Bacillus subtilis 168 ycs1	51.2	79.1	254	
2854	6338	2691690	2693054	1365	gp:AF126281	Rhodococcus	24.2	48.6	496	IS1676 transposase
2855	6339	2693300	2694919	1620	sp:CSP1_COR6L	Corynebacterium glutamicum ATCC 17965 csp1	24.8	49.6	355	PSI protein precursor
2856	6340	2695555	2695719	165						
2857	6341	2695767	2695321	447						
2858	6342	2695813	2697213	1401	gp:AF126281_1	Rhodococcus	24.6	46.6	500	IS1676 transposase gene
2859	6343	2698151	2697384	768						
2860	6344	2699532	2698195	1338	sp:GLT1_BAGCA	Bacillus subtilis 168	30.8	66.2	438	proton/sodium-glutamate symport protein
2861	6345	2702467	2699927	2541	gp:SCE25_30	Streptomyces coelicolor A3(2)	33.0	69.0	873	ABC transporter integral membrane
2862	6346	2703195	2702488	708	gp:SAU18641_2	Staphylococcus aureus	45.4	79.8	218	ATP-binding protein
2863	6347	2702467	2703357	891						
2864	6348	2705679	2705933	255						
2865	6349	2707380	2707285	96						
2866	6350	2707561	2707671	111						
2867	6351	2709103	2708972	132						
2868	6352	2709241	2709125	117	pir:A69137	Methanobacterium thermoautotrophicum Delta H MTH291	44.0	76.0	25	
2869	6353	2709318	2709196	123						
2870	6354	2709337	2709542	306						
2871	6355	2709879	2710556	678						
2872	6356	2710638	2711309	672	prf:2509388L	Streptomyces collinus Tu 1892 ansG	28.1	54.1	196	oxidoreductase
2873	6357	2711685	2711593	93						
2874	6358	2711851	2712375	525	sp:Y089_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	25.9	51.2	205	methyltransferase

【0372】

【表 148】

第 1-148 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2875	6359	2714546	2714800	255	sp:MSG5_YEAST	Saccharomyces cerevisiae F1676	28.2	62.8	78	protein-tyrosine phosphatase
2876	6360	2716428	2716538	111						
2877	6361	2717758	2717901	144						
2878	6362	2718188	2717994	195						
2879	6363	2719690	2718437	1254	sp:MURA_ACICA	Acinetobacter calcoaceticus NCIB 8250 mura	44.8	75.3	417	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase
2880	6364	2719751	2720320	570	sp:Y02Y_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1314c	66.3	84.2	190	
2881	6365	2721228	2720386	843	sp:SC265_15	Streptomyces coelicolor A3(2)	45.9	69.0	281	transcriptional regulator
2882	6366	2721935	2722858	924	sp:CYSK_BACSU	Bacillus subtilis 168 cysK	57.1	84.6	305	cysteine synthase
2883	6367	2723065	2723610	546	prf:2417357C	Azotobacter vinelandii cysE2	61.1	79.7	172	O-acetylserine synthase
2884	6368	2724058	2723771	288	sp:AE002024_10	Deinococcus radiodurans DR1844	36.1	65.1	83	
2885	6369	2725360	2724479	882	sp:SUCD_COXBU	Coxiella burnetii Nine Mile Ph 1 sucD	52.9	79.4	291	succinyl-coa synthetase alpha chain
2886	6370	2726011	2725385	627	sp:SUCG_BACSU	Bacillus subtilis 168 sucC	45.8	73.9	203	succinyl-coa synthetase beta chain
2887	6371	2726579	2726016	564	sp:SUCG_THEFL	Thermus aquaticus ATCC 33923 sucC	47.9	77.4	186	succinyl-coa synthetase beta chain
2888	6372	2728135	2727401	735	sp:AF058302_5	Streptomyces roseofulvus frnE	38.5	71.8	213	
2889	6373	2729027	2728209	819						
2890	6374	2730918	2729380	1539	sp:CAT1_CLOKL	Clostridium kluyveri cat1 cat1	47.9	77.8	501	succinyl-CoA coenzyme A transferase
2891	6375	2731378	2732520	1143	sp:NIR3_AZ08R	Azospirillum brasilense ATCC 29145	38.6	68.5	321	transcriptional regulator

【0373】

【表 149】

第 1-149 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2892	6376	2732638	2733369	732	pir:E70810	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0821c_phoY-2	46.5	81.7	213	phosphate transport system regulatory protein
2893	6377	2734353	2733457	897	pir:S68595	Pseudomonas aeruginosa pstB	58.8	82.8	255	phosphate-specific transport component
2894	6378	2735186	2734266	921	gp:WTPSTA1_1	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0830_pstA1	51.4	82.2	292	phosphate ABC transport system permease protein
2895	6379	2736217	2735204	1014	pir:A70584	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0829_pstC2	50.2	78.5	325	phosphate ABC transport system permease protein
2896	6380	2737540	2736416	1125	gp:U15182	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0928_pstS3	40.7	71.3	376	phosphate-binding protein S-3 precursor
2897	6381	2738713	2737838	876	gpu:SC084_18	Streptomyces coelicolor A3(2)	34.3	60.0	315	acetyltransferase
2898	6382	2738773	2739555	783						
2899	6383	2740652	2739558	1095	sp:BMRU_BACSU	Bacillus subtilis 168 bmrJ	24.7	55.2	344	multidrug resistance protein cotranscribed with bmr
2900	6384	2740672	2741358	687	pir:E70809	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0813c	44.9	74.2	225	
2901	6385	2742579	2741638	942	gp:AF193846_1	Solanum tuberosum BCAT2	28.6	56.0	259	branched-chain amino acid aminotransferase
2902	6386	2742687	2743787	1101	gp:AB003158_6	Corynebacterium ammoniaenes ATCC 6872 ORF4	58.5	79.0	352	
2903	6387	2744012	2744224	213	pir:B70809	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0810c	58.6	81.0	58	
2904	6388	2745956	2744883	1074	gp:AB003158_5	Corynebacterium ammoniaenes ATCC 6872 purM	81.0	94.2	347	5'-phosphoribosyl-5- aminoimidazole synthetase

【0374】

【表 150】

第 1-150 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2905	6389	2747566	2746085	1482	ep:AB003158_4	Corynebacterium ammoniaenes ATCC 6872 purF	70.3	89.0	482	amidophosphoribosyl transferase
2906	6390	2748059	2747685	375	pir:H70536	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	57.3	75.8	124	
2907	6391	2748097	2749113	1017	ep:AB003158_2	Corynebacterium ammoniaenes ATCC 6872 ORF2	75.9	94.0	315	
2908	6392	2749904	2749164	741	ep:AB003158_1	Corynebacterium ammoniaenes ATCC 6872 ORF1	67.7	87.1	217	
2909	6393	2752314	2750029	2286	ep:AB003162_3	Corynebacterium ammoniaenes ATCC 6872 purL	77.6	89.5	763	5'-phosphoribosyl-N- formylglycinamide synthetase
2910	6394	2752997	2752329	669	ep:AB003162_2	Corynebacterium ammoniaenes ATCC 6872 purD	80.3	93.3	223	5'-phosphoribosyl-N- formylglycinamide synthetase
2911	6395	2752404	2753123	720						
2912	6396	2753239	2752997	243	ep:AB003162_1	Corynebacterium ammoniaenes ATCC 6872 purOrf	81.0	93.7	79	
2913	6397	2753300	2753821	522						
2914	6398	2753806	2753330	477	prf:2420329A	Lactococcus lactis gpo	46.2	77.9	158	glutathione peroxidase
2915	6399	2753994	2756741	2748	prf:2216389A	Aeromonas hydrophila JMP636 nuch	28.0	51.5	965	extracellular nuclease
2916	6400	2756853	2757128	276						
2917	6401	2757817	2757131	687	pir:C70709	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	37.4	68.7	211	
2918	6402	2759202	2757865	1338	sp:DCTA_SALTY	Salmonella typhimurium LT2 dcta	49.0	81.6	414	C4-dicarboxylate transport protein
2919	6403	2759153	2759254	102						
2920	6404	2761651	2759534	2118	prf:2408268A	Pseudomonas sp. W024 dap b1	41.8	70.6	697	dipeptidyl aminopeptidase

【0375】

【表 151】

第 1-151 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2921	6405	2762677	2761787	891	prf:2408266A	Corynebacterium ammoniaenes ATCC 6872 purC	70.1	89.1	294	5'-phosphoribosyl-4-N- succinocarboxamide-5- aminoimidazole
2922	6406	2763231	2762998	234						
2923	6407	2764933	2763506	1428	ep:AB003161_2	Corynebacterium ammoniaenes ATCC 6872 purB	85.3	95.0	477	adenylosuccinoylase
2924	6408	2766137	2764980	1158	sp:AAT_SUL50	Sulfolobus solifarius ATCC	28.1	62.3	395	aspartate aminotransferase
2925	6409	2767422	2766160	1263	ep:AB003161_1	Corynebacterium ammoniaenes ATCC 6872 purD	71.1	86.4	425	5'- phosphoribosylglycinami de synthetase
2926	6410	2767582	2767995	414	sp:YHIT_MYCLE	Mycobacterium leprae u296a	53.7	80.2	136	histidine triad (HIT) protein
2927	6411	2768139	2767705	435						
2928	6412	2768174	2768275	102						
2929	6413	2769097	2768345	753	pir:S62195	Methanosarcina barkeri orf3	26.8	56.4	243	
2930	6414	2770513	2769158	1356	sp:DTPT_LACLA	Lactococcus lactis ML3 dipI	30.1	67.6	469	di-/tripeptide transporter
2931	6415	2770716	2771984	1269	sp:B10A_CORGL	Corynebacterium glutamicum M233 bioA	95.7	98.8	423	adenosylmethionine-8- amino-7-oxononanoate aminotransferase
2932	6416	2771991	2772662	672	sp:B10D_CORGL	Corynebacterium glutamicum M233 bioD	98.7	99.6	224	dethiobiotin synthetase
2933	6417	2774100	2772646	1455	ep:AF049873_3	Lactococcus lactis W7iplasmid pND306	31.3	70.5	335	sensor protein
2934	6418	2774816	2774112	705	prf:2222216A	Thermotoga maritima drrA	42.0	72.7	231	DNA-binding response regulator
2935	6419	2775691	2774939	753	sp:TIPA_STRLI	Streptomyces lividans tipA	37.4	69.5	249	transcriptional activator
2936	6420	2776881	2775742	1140	prf:2419350A	Arthrobacter sp. DK-38	30.9	53.9	382	metal-activated pyridoxal enzyme
2937	6421	2778506	2776770	1737	ep:ECOPDX88G.1	Escherichia coli K12	46.3	75.8	574	pyruvate oxidase

【0376】



【表 152】

第 1-152 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2938	6422	2778716	2778543	174						
2939	6423	2778967	2780448	1482	prf:22123348	Staphylococcus aureus plasmid pSK23 qac8	33.3	68.9	504	multidrug efflux protein
2940	6424	2780441	2780971	531	sp:YCDC_ECOLI	Escherichia coli K12	30.4	68.5	92	transcriptional
2941	6425	2780998	2782317	1320	pir:D70551	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2508c	45.6	78.4	421	membrane protein
2942	6426	2784483	2782342	2142						
2943	6427	2785617	2784658	960	gp:AF096929_2	Rhodococcus erythropolis S01 kstD1	34.3	62.1	303	3-ketosteroid dehydrogenase
2944	6428	2786357	2785653	705	sp:ALSR_BACSU	Bacillus subtilis 168 alsR	37.1	69.0	232	als operon regulatory protein
2945	6429	2787717	2786758	960	sp:DDH_CORGL	Corynebacterium glutamicum KY 10755	100.0	100.0	320	meso-diaminopimelate D- dehydrogenase
2946	6430	2787784	2788596	813	pir:C70982	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3298c, IpgC	28.4	52.9	278	
2947	6431	2789401	2788589	813	pir:C69862	Bacillus subtilis 168 ykra	26.7	55.6	288	
2948	6432	2789937	2789479	459						
2949	6433	2790154	2790552	399	pir:A45264	Oryctolagus cuniculus kidney cortex rBAT	28.6	50.7	140	amino acid transport protein
2950	6434	2790348	2792450	1503	pir:B70798	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	36.0	64.0	464	membrane protein
2951	6435	2792533	2792859	327	pir:S41307	Streptomyces griseus hndB	32.3	50.3	155	transcription initiation factor sigma
2952	6436	2792875	2794329	1455	sp:TPS1_SCHPO	Schizosaccharomyces pombe tps1	38.8	66.7	487	trehalose-6-phosphate synthase
2953	6437	2794302	2794814	513						
2954	6438	2794872	2795639	768	sp:OTS8_ECOLI	Escherichia coli K12	27.4	57.6	245	trehalose-phosphatase
2955	6439	2796751	2795678	1074	sp:CCPA_BACME	Bacillus megaterium ccpA	24.7	60.2	344	glucose-resistance amylase regulator
2956	6440	2796867	2797808	942	sp:ZNDA_HAEIN	Haemophilus influenzae RD H10119, znua	22.4	46.7	353	high-affinity zinc uptake system protein

【0377】

【表 153】

第 1-153 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2957	6441	2797822	2798511	690	gp:AF121672_2	Staphylococcus aureus 8329-4 mrEA	31.4	63.2	223	ABC transporter
2958	6442	2798839	2799393	555	pir:E70507	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	60.0	87.4	135	membrane protein
2959	6443	2799335	2799427	93	pir:A69426	Archaeoglobus fulgidus	23.4	52.5	303	ISA0963-5 transposase
2960	6444	2799537	2801036	1500		Rhodococcus erythropolis S91 kstd1	32.1	62.0	561	3-ketosteroid dehydrogenase
2961	6445	2801115	2801315	201	gp:AF096929_2	Thermotoga maritima MS88 bplA	34.3	56.4	204	lipopolysaccharide biosynthesis protein
2962	6446	2803248	2801560	1689	sp:M12D_BACSU	Bacillus subtilis 168 ldh	35.2	69.5	128	myo-inositol 2- dehydrogenase
2963	6447	2803998	2803252	747	sp:SHIA_ECOLI	Escherichia coli K12 shIA	30.5	67.5	292	shikimate transport protein
2964	6448	2804693	2804076	618	sp:SHIA_ECOLI	Escherichia coli K12 shIA	43.1	80.8	130	shikimate transport protein
2965	6449	2805112	2804678	435	gp:SC5A7_19	Streptomyces coelicolor A3(2)	32.6	55.7	212	transcriptional regulator
2966	6450	2805969	2805115	855	sp:PT56_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YOR201C	22.8	47.3	334	ribosomal RNA ribose methylase
2967	6451	2806443	2806018	426	sp:SYC_ECOLI	Escherichia coli K12	42.2	68.8	464	cysteine-tRNA
2968	6452	2807254	2806601	654	prf:2511335C	Lactococcus lactis	47.0	77.0	668	enzyme II sucrose
2969	6453	2807234	2807377	144	gpc:AF205034_4	Glostridium acetobutylicum ATCC 824 scrB	35.3	56.9	473	sucrose 6-phosphate hydrolase
2970	6454	2808366	2807428	939	sp:NAGB_ECOLI	Escherichia coli K12 nagB	38.3	69.4	248	glucosamine-6-phosphate isomerase
2971	6455	2809780	2808401	1380	sp:NAGA_VIBFU	Vibrio furnissii SR1514 manD	30.2	60.3	368	N-acetylglucosamine-6- phosphate deacetylase
2972	6456	2811808	2809826	1983	sp:DAPA_ECOLI	Escherichia coli K-12 dapA	28.2	62.1	298	dihydrodipicolinate synthase
2973	6457	2813260	2811962	1299						
2974	6458	2814039	2813281	759						
2975	6459	2815234	2814083	1152						
2976	6460	2815460	2816395	936						

【0378】

【表 154】

第 1-154 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (73/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2977	6461	2816411	2817319	909	sp:GLK_STR00	Streptomyces coelicolor A3(2)	28.7	57.6	321	glucokinase
2978	6462	2817365	2818060	696	prf:2516292A	Clostridium perfringens NCTC 8798	36.4	68.6	220	ManNAc-6-phosphate epimerase
2979	6463	2818315	2818139	177						
2980	6464	2819566	2818352	1215	sp:NAHH_M1CVI	Micromonospora viridificans ATCC 31146 neda	24.8	50.3	439	sialidase precursor
2981	6465	2820287	2819559	729	gp:AF181498_1	Rhizobium etli ansR	26.6	57.2	222	L-asparagine permease operon repressor
2982	6466	2820586	2822193	1608	gp:8FU64514_1	Bacillus firmus OF4 dppA	22.5	51.4	560	dipeptide transporter protein
2983	6467	2822389	2823339	951	sp:DPPB_BACF1	Bacillus firmus OF4 dppB	31.9	64.3	342	dipeptide transport system permease protein
2984	6468	2824276	2825343	1068	sp:OPPD_BACSU	Bacillus subtilis 168 oppD	46.5	78.3	314	oligopeptide transport ATP-binding protein
2985	6469	2825343	2826158	816	sp:OPPF_LACLA	Lactococcus lactis oppF	43.4	78.7	258	oligopeptide transport ATP-binding protein
2986	6470	2826837	2826217	621	sp:RHTB_ECOLI	Escherichia coli K12 rhtB	28.5	62.7	193	homoserine/homoserin lactone efflux protein
2987	6471	2826924	2827406	483	prf:2309303A	Bradyrhizobium japonicum lrp	31.0	66.2	142	Leu-responsive regulatory protein
2988	6472	2827819	2827460	360						
2989	6473	2828385	2827906	480	pir:C70607	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3581c	55.9	86.2	152	
2990	6474	2829148	2828381	768	sp:Y18T_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3582c	46.4	71.5	235	
2991	6475	2829751	2829158	594	pir:H70803	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3583c	73.3	91.1	157	transcriptional factor
2992	6476	2830059	2830781	723	prf:2214304A	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	43.5	70.0	223	response regulator

【0379】

【表 155】

第 1-155 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2993	6477	2830781	2831896	1116	sp:BAES_EC01	Escherichia coli K12	29.3	67.7	341	sensor protein
2994	6478	2832087	2832668	582						
2995	6479	2832792	2834183	1392	sp:RADA_EC01	Escherichia coli K12	41.5	74.3	463	DNA repair protein
2996	6480	2834190	2835287	1098	sp:YACK_BACSU	Bacillus subtilis 168 yack	40.3	73.3	345	
2997	6481	2835971	2835285	687	pir:D70804	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3587c	29.4	53.3	231	
2998	6482	2837501	2836050	1452	gp:PPU96338_1	Pseudomonas putida NCIMB 9866 plasmid	59.5	85.1	471	p-hydroxybenzaldehyde dehydrogenase
2999	6483	2837739	2837593	147						
3000	6484	2838578	2837958	621	pir:T08204	Chlamydomonas reinhardtii cal	36.7	66.2	210	mitochondrial carbonic dehydratase beta
3001	6485	2838645	2839523	879	gp:AF121797_1	Streptomyces antibioticus IMRU 3720	48.4	70.7	283	A/G-specific adenine glycosylase
3002	6486	2839564	2840718	1155						
3003	6487	2841077	2841850	774	gp:AB009078_1	Brevibacterium saccharolyticum	99.2	99.6	258	L-2,3-butanediol dehydrogenase
3004	6488	2842495	2843235	741						
3005	6489	2843407	2843718	312						
3006	6490	2843724	2843434	291	pir:E70552	Mycobacterium tuberculosis H37Rv mecB	48.5	69.1	97	
3007	6491	2846942	2844168	2775	sp:ME08_BACSU	Bacillus subtilis 168	58.5	86.2	832	C1pC adenosine triphosphatase
3008	6492	2847231	2848661	1431	gp:AB035643_1	Bacillus cereus ts-4 impdh	37.1	70.2	469	inosine monophosphate dehydrogenase
3009	6493	2848771	2849781	1011	pir:JC6117	Rhodococcus rhodochrous nitr	24.7	62.7	316	nitrilase regulator
3010	6494	2850033	2851817	1785	sp:PH2M_TRICU	Trichosporon cutaneum ATCC 46490	33.5	60.9	680	phenol 2-monooxygenase
3011	6495	2851999	2851883	117						
3012	6496	2852019	2853734	1716						
3013	6497	2853771	2855711	1941						
3014	6498	2855797	2857518	1722						

【0380】

【表 156】

第 1-156 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3015	6499	2859057	2857615	1443	gp:AF237667_1	Corynebacterium glutamicum ImrB	100.0	100.0	481	lincomycin resistance protein
3016	6500	2859046	2859207	162						
3017	6501	2860147	2859197	951	pir:G70807	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	26.7	55.8	240	
3018	6502	2862084	2860507	1578	gp:AB012100_1	Bacillus stearothermophilus	41.7	71.2	511	lysyl-tRNA synthetase
3019	6503	2862931	2862134	798	gp:CGPAN_2	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 panC	29.9	52.6	268	pantoate-beta-alanine ligase
3020	6504	2863623	2862931	693						
3021	6505	2864423	2863626	798						
3022	6506	2864850	2864386	465	gp:ML082548_4	Mycobacterium leprae ML082548_04c	29.0	69.6	138	
3023	6507	2865345	2864869	477	sp:HPPK_METEX	Methylotobacterium extorquens AM1 folK	42.4	69.0	158	2-amino-4-hydroxy-6- hydroxymethylidihydropt eridine
3024	6508	2865737	2865348	390	sp:F0LB_BACSU	Bacillus subtilis 168 folB	38.1	69.5	118	dihydroneopterin aldolase
3025	6509	2866569	2865733	837	gp:AB028656_1	Mycobacterium leprae	51.5	75.0	268	dihydropteroate
3026	6510	2867175	2866588	588	sp:GCH1_BACSU	Bacillus subtilis 168 mtrA	60.6	86.2	188	GTP cyclohydrolase I
3027	6511	2869750	2867171	2580						
3028	6512	2870446	2869865	582	gp:AF008931_1	Salmonella typhimurium GP660 hort	51.5	83.0	165	hypoxanthine phosphoribosyltransfera
3029	6513	2871391	2870501	891	sp:YZ05_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3625c	41.0	66.8	310	
3030	6514	2872679	2871447	1233	sp:DAC_ACTSP	Actinonadura sp. R39 dac	27.2	51.4	459	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase
3031	6515	2872928	2873401	474	sp:IPYR_EC0LI	Escherichia coli K12	49.7	73.6	159	inorganic
3032	6516	2873613	2873395	219						
3033	6517	2875445	2873907	1539	pir:H70886	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	56.0	80.7	507	spermidine synthase

【0381】

【表 157】

第 1-157 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3034	6518	2875834	2875436	399	sp:Y081_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	38.6	86.4	132	
3035	6519	2876282	2875872	411	sp:Y082_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	36.8	63.2	144	
3036	6520	2876779	2876282	498	sp:Y083_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	36.4	60.1	173	
3037	6521	2877387	2876779	609	sp:Y084_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	44.6	72.3	202	
3038	6522	2877860	2877597	264		Bacillus subtilis 168 bgIP	30.3	59.6	89	beta-glucosides- permease II ABC
3039	6523	2877705	2877457	249	sp:PTBA_BAGSU					
3040	6524	2877975	2878070	96						
3041	6525	2878323	2878186	138						
3042	6526	2879712	2878480	1233	gp:AB017795_2	Nocardioideis sp. KP7	38.0	69.6	411	ferredoxin reductase
3043	6527	2879967	2880254	288	gp:SCH69_9	Streptomyces coelicolor A3(2)	46.4	73.2	97	
3044	6528	2880546	2880989	444	prf:2516298U	Burkholderia pseudomallei ORF E	26.7	59.3	135	
3045	6529	2881000	2884884	3885	prf:2413335A	Streptomyces roseosporus cps8	28.4	51.6	1241	daptomycin biosynthetic protein subunit
3046	6530	2886499	2884937	1563	prf:2310295A	Escherichia coli K12 pdaA	35.0	63.7	488	phenylacetaldehyde dehydrogenase
3047	6531	2886717	2886550	168						
3048	6532	2886651	2886749	99						
3049	6533	2887835	2886918	918	gp:CJ11168X2_2 54	Campylobacter jejuni CJ0604	57.3	79.7	241	
3050	6534	2888080	2887946	135	gp:CGL238703_1	Corynebacterium glutamicum MH20-228	100.0	100.0	45	porin
3051	6535	2888364	2888167	198						
3052	6536	2890542	2888899	1644	gsp:R94368	Brevibacterium flavum WJ-233	99.5	100.0	548	GroEL protein
3053	6537	2890932	2890753	180						
3054	6538	2892140	2890932	1209						
3055	6539	2893102	2892140	963						

【0382】

【表 1 5 8】

第 1-158 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3056	6540	2895087	2893102	1986						
3057	6541	2897527	2895074	2454						
3058	6542	2900328	2897530	2799						
3059	6543	2903922	2900332	3591	prf:2309325A	Homo sapiens MUC5B	21.7	42.3	1236	mucin
3060	6544	2906740	2903966	2775						
3061	6545	2907252	2906641	612						
3062	6546	2907517	2908887	1371	pir:G70870	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2522c	37.1	68.0	447	
3063	6547	2909212	2909790	579						
3064	6548	2909832	2909233	600						
3065	6549	2909969	2909877	93						
3066	6550	2910174	2913230	3057	prf:25042858	Staphylococcus aureus mnhA	35.6	68.3	797	Na/H antiporter
3067	6551	2913237	2913725	489	gp:AF097740_3	Bacillus firmus OF4 mrpC	44.2	81.7	104	multiple resistance and pH regulation related protein C
3068	6552	2913751	2915418	1668	gp:AF097740_4	Bacillus firmus OF4 mrpD	35.2	72.1	523	multiple resistance and pH regulation related protein D
3069	6553	2915484	2915924	441	gp:AF097740_5	Bacillus firmus OF4 mrpE	26.7	60.9	161	multiple resistance and pH regulation related protein E
3070	6554	2915931	2916203	273	prf:24164766	Rhizobium meliloti	32.5	66.2	77	K+ efflux system
3071	6555	2916207	2916584	378	prf:2504285H	Staphylococcus aureus mnhG	25.6	63.6	121	Na+/H+ antiporter
3072	6556	2917619	2917026	594	pir:D70594	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	24.7	54.5	178	
3073	6557	2918759	2917632	1128	sp:YBDK_EC01	Escherichia coli K12	27.0	61.7	334	
3074	6558	2919483	2918821	663						
3075	6559	2919743	2919492	252	pir:D70631	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	47.9	70.4	71	
3076	6560	2919717	2920295	579	sp:DEF_BACSU	Bacillus subtilis 168	37.5	60.9	184	polypeptide deformylase

【0 3 8 3】

【表 159】

第 1-159 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3077	6561	2920288	2921292	1005	pir:B70631	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0428c	31.3	54.2	339	
3078	6562	2921322	2922110	789	gp:AF108767_1	Salmonella typhimurium LT2 xthA	30.8	59.9	31	exodeoxyribonuclease III
3079	6563	2922120	2923619	1500	gp:BFU88888_2	Bacillus firmus OF4	27.9	62.0	513	cardiolipin synthase
3080	6564	2925149	2923956	1194	sp:BCR_EC01.1	Escherichia coli M12 bc	31.6	67.2	393	bicyclomycin resistance protein
3081	6565	2925543	2926706	1164	gp:VCAJ10968_1	Vibrio cholerae JS1569 nptA	28.5	68.9	382	sodium dependent phosphate pump
3082	6566	2927548	2926709	840	sp:PHZC_PSEAR	Pseudomonas aureofaciens 30-84	38.8	56.4	289	phenazine biosynthesis protein
3083	6567	2928320	2927553	768	gp:SCF8_16	Streptomyces coelicolor A3(2)	24.3	60.8	255	ABC transporter
3084	6568	2929239	2928304	936	sp:BCRA_BAC11	Bacillus licheniformis ATCC 9945A bcrA	36.9	66.3	309	integral membrane bacitracin transport ATP-binding protein
3085	6569	2929758	2929258	501	pir:C70629	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0412c	47.6	68.5	168	
3086	6570	2929953	2931338	1386	pir:B70629	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0412c	35.0	70.2	423	membrane protein
3087	6571	2931342	2932373	1032	sp:GLNH_BACST	Bacillus stearothermophilus NUB36 glnH	31.5	64.8	270	glutamine-binding protein precursor
3088	6572	2932579	2934831	2253	pir:H70628	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0410c_pknG	41.2	63.5	805	serine/threonine kinase
3089	6573	2936507	2935317	1191	sp:ACKA_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ackA	100.0	100.0	397	acetate kinase
3090	6574	2937496	2936510	987	prf:2516394A	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032	100.0	100.0	329	phosphate acetyltransferase
3091	6575	2938405	2939769	1365	sp:ADRO_BOVIN	Bos taurus	37.2	67.8	457	NADPH:adrenodoxin reductase precursor

【0384】



【表 160】

第 1-160 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3092	6576	2939909	2940454	546	sp:ELAA_ECOLI	Escherichia coli K12	34.0	60.3	156	
3093	6577	2941510	2940449	1062						
3094	6578	2942502	2941474	1029						
3095	6579	2943009	2942611	399						
3096	6580	2944207	2943014	1194	sp:PURT_BACSU	Bacillus subtilis 168 purT	59.1	82.6	379	phosphoribosylglycinami de formyltransferase
3097	6581	2944382	2944492	111						
3098	6582	2944692	2944585	108						
3099	6583	2945093	2945191	99						
3100	6584	2946528	2945641	888						
3101	6585	2947593	2946700	894	pir:S60890	Corynebacterium glutamicum ORF2	77.6	90.9	295	transposase
3102	6586	2947888	2947622	267	pir:S60889	Corynebacterium glutamicum ORF1	67.4	84.3	89	transposition repressor
3103	6587	2949190	2948051	1140	ap:AB016841_1	Streptomyces thermofilaceus opc- 520 chis	22.4	51.3	349	two-component system sensor kinase
3104	6588	2949884	2949267	618	sp:DEGU_BACBR	Bacillus brevis ALK36 degU	31.7	65.6	218	transcriptional regulatory protein
3105	6589	2950209	2950433	225						
3106	6590	2951725	2950436	1290	ap:AB003160_1	Corynebacterium ammoniaenes purA	89.7	95.3	427	adenylosuccinate synthetase
3107	6591	2951878	2951789	90						
3108	6592	2951935	2952693	759	pir:G70575	Mycobacterium tuberculosis H37RV	34.3	59.3	204	
3109	6593	2952711	2952974	264						
3110	6594	2954143	2952977	1167	sp:YFDA_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC13059	100.0	100.0	359	
3111	6595	2955274	2954243	1032	pir:S09283	Corynebacterium glutamicum ATCC13059	99.7	100.0	344	fructose-bisphosphate aldolase
3112	6596	2956475	2955525	951	ap:CGFDA_1	Corynebacterium glutamicum ATCC13059	100.0	100.0	304	

【0385】

【表 161】

第 1-161 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3113	6597	2957449	2956832	618	pir:G70833	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0380c	76.9	91.2	182	methyltransferases
3114	6598	2958038	2957487	552	gp:AF058713_1	Pyrococcus abyssi pyrE	39.1	65.5	174	orotate phosphoribosyltransferase
3115	6599	2959112	2958141	972	pir:B70834	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0383c	27.6	60.0	250	
3116	6600	2960373	2959522	852	sp:THM_HUMAN	Homo sapiens mpst	29.6	56.1	294	3-mercaptopyruvate sulfurtransferase
3117	6601	2961189	2960470	720						
3118	6602	2961344	2962720	1377	prf:2308322A	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032	99.8	100.0	459	multidrug resistance protein
3119	6603	2963010	2962732	279						
3120	6604	2963598	2963200	399						
3121	6605	2966163	2963608	2556	sp:CLPB_COR6L	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 clpb	100.0	100.0	852	ATP-dependent protease regulatory subunit
3122	6606	2966123	2966245	123						
3123	6607	2967806	2966460	1347	pir:S76883	Synechocystis sp. PCC 6803 slr0625	24.7	54.8	489	
3124	6608	2967977	2967861	117						
3125	6609	2968405	2968791	387	sp:CADF_STAAU	Staphylococcus aureus cadC	37.0	71.3	108	cadmium resistance protein
3126	6610	2968953	2969310	858	pir:H75109	Pyrococcus abyssi Orsay PAB0462	23.7	63.3	283	cation efflux system protein (zinc/cadmium)
3127	6611	2969836	2971005	1170	gp:AB010439_1	Rhodococcus rhodochrous IF03338	22.5	45.4	476	steroid monooxygenase
3128	6612	2971019	2972059	1041	sp:LUXA_KRYAS	Kryptophanaron alfredi symbiont luxA	21.1	47.4	399	alkanal monooxygenase alpha chain
3129	6613	2973207	2972062	1146	sp:METB_ECOLI	Escherichia coli K12	36.5	62.4	375	cystathionine gamma-
3130	6614	2973798	2973232	567	gp:SC1A2_11	Streptomyces coelicolor A3(2)	40.2	67.9	184	DNA-binding protein

【0386】

【表 162】

第 1-162 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3131	6615	2973963	2974202	240	gp:SC20_34	Streptomyces coelicolor A3(2)	49.4	65.2	89	rifampin ADP-ribosyl transferase
3132	6616	2974202	2974384	183	gp:SC20_34	Streptomyces coelicolor A3(2)	73.2	87.5	56	rifampin ADP-ribosyl transferase
3133	6617	2974469	2975593	1125	pir:E70812	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0837c	30.5	56.2	361	
3134	6618	2975631	2976362	732	pir:D70812	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0836c	33.8	64.7	204	
3135	6619	2976598	2977776	1179	pir:D70834	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0836c	31.9	60.6	386	oxidoreductases
3136	6620	2978646	2977849	798	pir:B69109	Methanobacterium thermoautotrophicum Delta H MTH1811	32.0	67.3	275	N-carbamoyl-D-amino acid amidohydrolase
3137	6621	2978739	2978981	243						
3138	6622	2978984	2980117	1134	gp:SC4A7_3	Streptomyces coelicolor A3(2)	28.0	55.4	289	secreted protein
3139	6623	2981700	2980183	1518	prf:21043330	Rhodococcus erythropolis thcA	69.6	90.3	507	oxidation of aliphatic aldehydes
3140	6624	2982462	2982025	438	gp:SAU43299_2	Streptomyces albus G	47.4	70.4	135	dnaK operon repressor
3141	6625	2983681	2982497	1185	sp:DNAJ_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0352_dnaJ	56.7	80.1	397	heat shock protein
3142	6626	2984524	2983889	636	sp:GRPE_STRC0	Streptomyces coelicolor grPE	38.7	66.5	212	HSP70 cofactor
3143	6627	2986399	2984546	1854	gsp:R94587	Bravibacterium flavum MJ-233 dnaK	99.8	99.8	618	70 kDa heat shock protein
3144	6628	2986835	2988166	1332	gp:SCF6_8	Streptomyces coelicolor A3(2)	42.6	79.0	338	integral membrane protein
3145	6629	2988848	2988216	633	sp:PFS_HELPY	Helicobacter pylori HP0089_mtn	27.2	60.0	195	MTA/SAH nucleasidase (p46)
3146	6630	2990047	2988848	1200						

【0387】

【表 163】

第 1-163 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3147	6631	2993288	2989956	3333	sp:CUT3_SCHPO	Schizosaccharomyces pombe cut3	18.9	48.4	1311	chromosome segregation protein
3148	6632	2993923	2993288	636						
3149	6633	2995407	2993923	1485						
3150	6634	2996783	2995749	1035	sp:ADH2_BAGST	Bacillus stearothermophilus DSM 2334	50.0	81.7	334	alcohol dehydrogenase
3151	6635	2997153	2997368	216						
3152	6636	2997689	2997483	207						
3153	6637	2997690	2997878	189						
3154	6638	2998225	2997965	261						
3155	6639	2999456	2998530	927	pir:F69997	Bacillus subtilis ytnM	43.5	70.1	301	
3156	6640	3000202	2999480	723	sp:SG7A8_10	Streptomyces coelicolor A3(2)	32.5	53.2	252	secreted protein
3157	6641	3001541	3000243	1299	sp:CYSN_ECOLI	Escherichia coli K12 cysN	47.3	78.3	414	sulfate adenyltransferase, subunit 1
3158	6642	3001514	3002428	915						
3159	6643	3002455	3001544	912	sp:CYSN_ECOLI	Escherichia coli K12 cysD	46.1	70.1	308	sulfate adenyltransferase small chain
3160	6644	3003147	3002455	693	sp:CYH1_BAGSU	Bacillus subtilis cysH	39.2	64.2	212	phosphoadenosine phosphosulfate
3161	6645	3005164	3003482	1683	sp:NIR_SNP7	Synechococcus sp. PCC 7942	34.5	65.5	502	ferredoxin-nitrate reductase
3162	6646	3005547	3006917	1371	sp:ADRO_YEAST	Saccharomyces cerevisiae FL200 arh1	30.8	61.4	487	ferredoxin-NADP+ reductase
3163	6647	3007296	3008378	1083	prf:2420294J	Homo sapiens hypE	32.6	59.7	144	huntingtin interactor
3164	6648	3008691	3008455	237						
3165	6649	3009164	3008751	414	sp:PHNB_ECOLI	Escherichia coli K12 phnB	26.8	59.9	142	involved in alkylphosphonate uptake and G-P lyase activity
3166	6650	3008772	3009305	534						

【0388】

【表 164】

第 1-164 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3167	6651	3009244	3009609	366	gp:SCE68_10	Streptomyces coelicolor A3(2)	50.0	66.3	80	
3168	6652	3010233	3009712	522	gp:PPAM0A_1	Pseudomonas putida DSMZ ID 88-260 amoA	39.1	76.4	161	ammonia monooxygenase
3169	6653	3011807	3011244	564						
3170	6654	3012811	3011810	1002	sp:YGB7_ALCEU	Alcaligenes eutrophus H16 ORF7	26.1	57.9	337	
3171	6655	3013800	3013108	693	gp:HIU68399_3	Haemophilus influenzae hmcB	35.7	64.8	199	ABC transporter
3172	6656	3014552	3013839	714	gp:HIU68399_3	Haemophilus influenzae hmcB	39.3	73.0	211	ABC transporter
3173	6657	3014618	3015826	1209	pir:A69778	Bacillus subtilis yde6	30.8	67.8	416	metabolite transport protein homolog
3174	6658	3017151	3015829	1323	sp:DAPE_ECOLI	Escherichia coli K12 msgB	21.5	48.5	466	succinyl- diaminopimelate
3175	6659	3017318	3019222	1905						
3176	6660	3019436	3019347	90						
3177	6661	3020611	3019544	1068	sp:WALK_ECOLI	Escherichia coli K12 malK	24.9	50.1	373	maltose/maltodextrin transport ATP-binding protein
3178	6662	3021204	3020563	642						
3179	6663	3021827	3021210	618	gp:AF036485_6	Plasmid pNZ4000 Orf- 200, cbm	30.2	67.6	179	cobalt transport protein
3180	6664	3021832	3022032	201						
3181	6665	3022930	3022115	816	sp:FRP_VJBHA	Vibrio harveyi MAV frp	37.2	71.4	231	NADPH-flavin oxidoreductase
3182	6666	3023902	3023000	903	sp:LUNH_CRIFA	Grithidia fasciculata iunH	28.4	59.3	317	inosine-uridine preferring nucleoside
3183	6667	3024381	3025355	975	gp:SCE20_8	Streptomyces coelicolor A3(2)	31.2	59.4	276	membrane protein
3184	6668	3025554	3026141	588	sp:3MG1_ECOLI	Escherichia coli K12 tag	50.3	78.8	179	DNA-3-methyladenine glycosylase I
3185	6669	3027301	3026144	1158	sp:HMPA_ALCEU	Alcaligenes eutrophus H16 frp	33.5	63.8	406	flavohemoprotein

【0389】

【表 165】

第 1-165 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3186	6670	3027563	3028165	603						
3187	6671	3028270	3028893	624	epu:SC0276673_18	Streptomyces coelicolor A3(2) myoQ	34.8	63.8	210	oxidoreductase
3188	6672	3028880	3029035	156						
3189	6673	3029476	3028886	591	sp:BGLG_EC0L1	Escherichia coli K12 bg1C	28.1	69.3	192	beta-glucoside positive regulatory protein
3190	6674	3029506	3029784	279						
3191	6675	3030063	3029704	360	sp:ABGA_CL0L0	Clostridium longisporum B6405 abgA	43.7	59.9	167	6-phospho-beta-glucosidase
3192	6676	3030342	3030103	240	sp:ABGA_CL0L0	Clostridium longisporum B6405 abgA	43.9	78.8	66	6-phospho-beta-glucosidase
3193	6677	3030157	3030537	381						
3194	6678	3030725	3031981	1257	ep:L78665_2	Methylobacillus flagellatus aat	53.7	80.9	402	aspartate aminotransferase
3195	6679	3032150	3032055	96						
3196	6680	3032663	3033865	1203	epu:AF189147_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032	100.0	100.0	401	transposase
3197	6681	3034289	3034107	183						
3198	6682	3034955	3034863	93						
3199	6683	3034183	3035439	1257	ep:SC011_10	Streptomyces coelicolor A3(2)	33.6	70.2	399	membrane protein
3200	6684	3036758	3035442	1317	prf:2422381B	Sinorhizobium meliloti rkk	40.5	72.2	442	UDP-glucose dehydrogenase
3201	6685	3037413	3036847	567	sp:DCB_EC0L1	Escherichia coli K12 dcd	43.6	72.3	188	deoxycytidine triphosphate deaminase
3202	6686	3037677	3037913	237						
3203	6687	3038174	3038944	771	ep:SC075A_16	Streptomyces coelicolor A3(2)	30.6	59.4	229	membrane protein
3204	6688	3040683	3038995	1689						
3205	6689	3041934	3040750	1185	ep:AB008771_1	Streptomyces thermotolaceus nagA	28.5	58.1	410	beta-N-Acetylglucosaminidase
3206	6690	3041996	3042439	444						
3207	6691	3042505	3042705	201						

【0390】

【表 166】

第 1-166 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3208	6692	3042662	3045790	3129	gp:ML081883_7	Mycobacterium leprae ML081883.13c	29.6	49.4	1416	integral membrane protein
3209	6693	3045798	3045992	195						
3210	6694	3047191	3046124	1068	pir:JC4001	Streptomyces sp. acyA	27.7	51.0	408	macrolide 3-O- acyltransferase
3211	6695	3047148	3048050	903	gp:ML081883_4	Mycobacterium leprae ML081883.05c	24.8	47.1	363	membrane protein
3212	6696	3048060	3049481	1422	gp:ML081883_3	Mycobacterium leprae ML081883.04c	31.2	54.8	529	membrane protein
3213	6697	3050594	3049458	1137	pir:G70961	Mycobacterium tuberculosis H37RV	53.4	79.1	369	lps biosynthesis rfbu related protein
3214	6698	3050524	3051192	669						
3215	6699	3051196	3051966	771	pir:F70961	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0224c	58.6	73.3	251	methyl transferases
3216	6700	3053893	3052064	1830	sp:PPCK_NE0FR	Neocallimastix frontalis pepck	54.7	78.5	601	phosphoenolpyruvate carboxylase (GTP)
3217	6701	3054761	3055771	1011	pir:E75125	Pyrococcus abyssi Orsay PA82393	24.4	52.7	332	c4-dicarboxylate transporter
3218	6702	3055865	3055758	108						
3219	6703	3055869	3056633	765	sp:YGGH_EC011	Escherichia coli K12	35.7	67.2	241	
3220	6704	3056615	3057319	705	pir:E70959	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0207c	69.1	85.0	207	
3221	6705	3057330	3059645	2316	pir:C70839	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0206c_mmpL3	42.3	72.3	768	membrane transport protein
3222	6706	3059653	3060735	1083	pir:A70839	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv0204c	29.1	62.9	364	membrane protein
3223	6707	3060735	3061097	363	pir:H70633	Mycobacterium tuberculosis H37RV	34.3	69.4	108	membrane protein
3224	6708	3062929	3061382	1548	gp:AF113605_1	Streptomyces coelicolor A3(2) pccB	49.7	76.9	523	propionyl-CoA carboxylase complex B

【0391】

【表 167】

第 1-167 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3225	6709	3067782	3062953	4830	sp:ERY1_SACER	Streptomyces erythraeus eryA	30.2	54.2	1747	erythronolide synthase, modules 1 and 2
3226	6710	3069932	3068145	1788	prf:2310345A	Mycobacterium bovis	33.5	62.3	592	acyl-CoA synthase
3227	6711	3071142	3070216	927	pir:F70887	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3802c	39.8	67.4	319	
3228	6712	3071646	3071149	498						
3229	6713	3073622	3071652	1971	sp:CSP1_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 17965 cop1	98.6	99.5	657	major secreted protein
3230	6714	3074077	3073859	219						
3231	6715	3074049	3075449	1401						
3232	6716	3076564	3075542	1023	sp:A85C_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis ERDMANN RV0129C_fbpC	36.3	62.5	331	antigen 85-C
3233	6717	3078774	3076717	2058	pir:A70888	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3805c	37.5	61.2	667	membrane protein
3234	6718	3079850	3078855	996	sp:NOEC_AZOCA	Azorhizobium caulinodans ORS571	27.1	51.5	295	nodulation protein
3235	6719	3080353	3079850	504	pir:C70888	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3807c	51.2	75.0	168	membrane protein
3236	6720	3082313	3080346	1968	prf:2309326A	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3808c	55.6	74.7	656	
3237	6721	3082469	3083962	1494						
3238	6722	3084413	3083937	477	sp:BCRC_BACLI	Bacillus licheniformis ATCC 9945A bcrC	28.2	56.5	170	bacitracin transport permease protein
3239	6723	3085202	3084426	777						
3240	6724	3085749	3087050	1302	sp:FMO1_PIG	Sus scrofa fmo1				dimethylamine monooxygenase (N-oxide- forming)
3241	6725	3088305	3087103	1203	sp:GLF_ECOLI	Escherichia coli K12	43.2	72.9	377	UDP-galactopyranose

【0392】



【表 168】

第 1-168 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3242	6726	3088618	3090666	2049	pir:G70520	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	29.6	47.8	659	csp protein
3243	6727	3092288	3090762	1527	sp:GLPK_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa ATCC 15692 gIpK	51.7	78.8	499	glycerol kinase
3244	6728	3093177	3092344	834	pir:A70521	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3813c	41.6	70.3	279	
3245	6729	3094052	3093177	876	pir:D70521	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3816c	46.7	72.0	261	acyltransferase
3246	6730	3095345	3094080	1266	gsp:W26465	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	70.2	87.6	419	seryl-tRNA synthetase
3247	6731	3095576	3096289	714	sp:FARR_ECOLI	Escherichia coli K12 farR	27.7	61.7	235	fatty acyl-responsive regulator
3248	6732	3096313	3097425	1113	pir:H70652	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	32.6	61.2	356	
3249	6733	3097425	3097766	342	pir:A70653	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	46.0	79.7	113	
3250	6734	3097880	3097782	99						
3251	6735	3098574	3097906	669	gp:AMU73808_1	Amiclatopsis methanolica dgm	37.2	62.8	218	2,3-PDG dependent phosphoglycerate mutase
3252	6736	3099524	3098580	945	sp:PHEA_CORGL	Corynebacterium glutamicum pheA	99.4	99.7	315	prephenate dehydratase
3253	6737	3099558	3100700	1143	prf:2501285A	Mycobacterium smegmatis pzaA	27.4	50.9	460	nicotinamide/pyrazina midase
3254	6738	3100700	3101428	729						
3255	6739	3101865	3101746	120						
3256	6740	3101736	3102770	1035	gp:SC664_33	Streptomyces coelicolor A3(2)	31.6	57.1	380	transcriptional regulator
3257	6741	3102896	3103765	870						
3258	6742	3103928	3104254	327	pir:B26872	Streptomyces lavendulae ORF372	43.9	81.3	107	DNA-binding protein

【0393】

【表 169】

第 1-169 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/塩)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3259	6743	3104408	3105721	1314	sp:AMVH_YEAST	Saccharomyces cerevisiae S288c sta1	28.7	55.3	432	glucan 1,4-alpha-glucosidase
3260	6744	3106972	3106955	918						
3261	6745	3107771	3106953	819	sp:GLPQ_BACSU	Bacillus subtilis glpQ	29.0	54.1	259	glycerophosphoryl diester
3262	6746	3108133	3109521	1389	sp:GNTP_BACSU	Bacillus subtilis gntP	37.3	71.9	456	gluconate permease
3263	6747	3109853	3109716	138						
3264	6748	3109847	3110005	159						
3265	6749	3110254	3110379	126						
3266	6750	3112082	3110466	1617	sp:KPYK_CORGL	Corynebacterium glutamicum AS019 pyk	25.5	47.7	491	pyruvate kinase
3267	6751	3113392	3112451	942	esp:Y25997	Brevibacterium flavum lctA	99.7	99.7	314	lactate dehydrogenase protein
3268	6752	3113621	3115396	1776	pir:G70893	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv1089c	33.5	64.8	526	
3269	6753	3115409	3116044	636	gp:SC102_30	Streptomyces coelicolor A3(2)	32.1	58.5	224	hydrolase
3270	6754	3116081	3116623	543	gp:AF030288_1	Brevibacterium linens ORF1, tnpA	39.9	67.6	188	efflux protein
3271	6755	3116642	3117334	693	sp:GLCC_EC0LI	Escherichia coli K12	27.6	57.0	221	transcription activator
3272	6756	3117338	3118123	786	pir:B70885	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv2795c	47.8	68.6	255	phosphoesterase
3273	6757	3118286	3119584	1299	sp:SHIA_EC0LI	Escherichia coli K12	37.9	74.4	422	shikimate transporter
3274	6758	3119667	3120881	1215	prf:2219306A	Neisseria meningitidis lida	40.4	68.9	376	L-lactate dehydrogenase
3275	6759	3121365	3121514	150						
3276	6760	3121600	3121911	312	sp:RPC_BPPH1	Bacillus phage phi-105 ORF1	45.5	80.0	55	immunity repressor protein
3277	6761	3122131	3121994	138						
3278	6762	3124174	3122558	1617	gpc:CEL51B11A_1	Caenorhabditis elegans Y51B11A.1	29.5	51.3	569	reverse transcriptase (RNA-dependent)
3279	6763	3124888	3124343	546						

【0394】

【表 170】

第 1-170 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3280	6764	3125300	3124899	402	sp:LL1_ARATH	Arabidopsis thaliana	36.9	63.1	122	IAA-amino acid
3281	6765	3125345	3125494	150						
3282	6766	3126147	3125497	651	sp:PMNR_ECOLI	Escherichia coli B msrA	47.6	69.1	210	peptide methionine sulfoxide reductase
3283	6767	3126466	3126993	528	pir:140858	Corynebacterium pseudodiphtheriticum	82.3	92.7	164	superoxide dismutase (Fe/Mn)
3284	6768	3127388	3127275	114						
3285	6769	3128419	3127496	924	sp:GLTC_BACSU	Bacillus subtilis gltC	32.5	65.8	292	transcriptional regulatory protein
3286	6770	3128608	3129741	1134	gp:AF121000_10	Corynebacterium glutamicum tetA	23.4	49.0	384	tetracycline resistance protein
3287	6771	3130628	3130494	135						
3288	6772	3129787	3131397	1611						
3289	6773	3132922	3133032	111						
3290	6774	3133030	3131510	1521						
3291	6775	3133117	3133749	633	pir:G70654	Mycobacterium tuberculosis H37RV	33.8	64.8	216	
3292	6776	3135270	3133780	1491	prf:2508244AB	Streptomyces cyanogenus lanJ	27.3	59.3	447	transporter
3293	6777	3135299	3135754	456	sp:YXAD_BACSU	Bacillus subtilis yxAd	37.2	65.0	137	transcription regulator
3294	6778	3136493	3135858	636	prf:2518330B	Corynebacterium diphtheriae chrA	50.9	75.5	212	response regulator
3295	6779	3137905	3136595	1311	prf:2518330A	Corynebacterium diphtheriae chrS	30.2	64.5	408	histidine kinase
3296	6780	3137886	3138473	588						
3297	6781	3138632	3138483	150	gp:SCH69_22	Streptomyces coelicolor A3(2)	45.8	79.2	48	
3298	6782	3139457	3138636	822	gp:SCH69_20	Streptomyces coelicolor A3(2)	30.0	59.2	277	integral membrane protein
3299	6783	3139653	3140954	1302	sp:SP3J_BACSU	Bacillus subtilis spoIIJ	26.0	53.6	265	stage III sporulation protein
3300	6784	3141525	3140887	639	:pir:C70948	Mycobacterium tuberculosis H37RV Rv3173c	32.3	60.9	192	transcription repressor

【0395】

【表171】

第1-171表

配列番号 (塩基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3301	6785	3141971	3141711	261	sp:TAG1_EC0L1	Escherichia coli K12 MG1655 tag1	34.5	71.3	87	transglycosylase- associated protein
3302	6786	3143358	3142456	903	sp:YH12_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2005c	41.2	69.6	296	
3303	6787	3144484	3143498	987	sp:YHBW_EC0L1	Escherichia coli K12 MG1655 yhbW	38.5	73.9	314	
3304	6788	3144663	3145628	966	sp:YBC5_CHLVI	Chlorobium vibrioforme ybc5	28.4	51.2	334	
3305	6789	3147992	3148189	198	gp:AE002057_8	Deinococcus radiodurans DR2252	56.8	75.3	81	
3306	6790	3149635	3149540	96						
3307	6791	3149816	3149926	111						
3308	6792	3151146	3151289	144						
3309	6793	3151577	3151371	207						
3310	6794	3152206	3151844	363	GLCC_EC0L1	Escherichia coli K12 MG1655 glcC	30.3	56.0	109	glc operon transcriptional
3311	6795	3152415	3153830	1416	gp:SC466_31	Streptomyces coelicolor SC466 31c	26.0	48.2	488	
3312	6796	3154768	3153896	873	sp:35KD_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2744c	48.3	78.7	267	
3313	6797	3154819	3154971	153						
3314	6798	3156699	3155248	1452						
3315	6799	3157375	3156308	1068						
3316	6800	3157473	3157225	249						
3317	6801	3157789	3157481	309						
3318	6802	3158126	3158836	711	gp:SCD35_11	Streptomyces coelicolor A3(2)	32.3	58.1	217	methyltransferase
3319	6803	3159043	3158927	117						
3320	6804	3159802	3159083	720	sp:N021_SOYBN	soybean N021	26.1	55.2	241	nodulin 21-related
3321	6805	3160218	3160421	204						
3322	6806	3160818	3161003	186						
3323	6807	3160690	3161067	378						

【0396】

【表 172】

第 1-172 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7nt/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3324	6808	3161221	3161703	483						
3325	6809	3161849	3162091	243						
3326	6810	3162016	3161884	333	gpc:SCD31_14	Streptomyces coelicolor A3(2)	47.3	85.5	55	
3327	6811	3162985	3162860	126	sp:G3P_PYRW0	Pyrococcus woesei G3P	63.2	84.2	38	Glyceraldehyde-3- phosphate dehydrogenase
3328	6812	3163735	3163076	660	pir:S77018	Synechocystis sp. PCC6803 s110788	32.2	59.4	180	
3329	6813	3162854	3163891	1038		Archaeoglobus fulgidus AF0152	45.8	73.4	717	copper/potassium- transporting ATPase B
3330	6814	3166007	3163791	2217	pir:H69268					
3331	6815	3166439	3166269	171						
3332	6816	3166980	3167171	192		Escherichia coli K12 baeS	37.5	71.4	301	sensory kinase
3333	6817	3167648	3166452	1197	sp:BAES_EC011					alkaline phosphatase synthesis transcriptional
3334	6818	3168403	3167648	756	sp:PHOP_BACSU	Bacillus subtilis phoP	43.4	72.1	233	
3335	6819	3167741	3168568	828						
3336	6820	3168671	3169342	672						
3337	6821	3169416	3170894	1479	sp:COPA_PSESM	Pseudomonas syringae pv. tomato copA	26.7	47.9	630	copper resistance protein precursor A
3338	6822	3170912	3171031	120						
3339	6823	3171256	3171618	363	sp:TLPA_BRAJA	Bradyrhizobium japonicum tlpA	31.7	63.4	101	
3340	6824	3172538	3171621	918	sp:OOR_MOUSE	Mus musculus (mouse) qor	31.4	60.9	322	quinone oxidoreductase (NADPH:quinone reductase) (seta- crystallin)
3341	6825	3173091	3172912	180						
3342	6826	3172997	3173467	471						
3343	6827	3173626	3173859	234	sp:ATZN_SYNY3	Synechocystis sp. (strain PCC 6803) atzN	37.2	66.7	78	Zinc-transporting ATPase (Zn(II))- translocating p-type

【0397】

【表 173】

第 1-173 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3344	6828	3174068	3174382	315						
3345	6829	3174878	3174979	102						
3346	6830	3174992	3174786	207						
3347	6831	3175029	3176903	1875	sp:ATZN_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 atzN	39.8	68.5	606	Zinc-transporting ATPase (Zn(II))- translocating p-type
3348	6832	3177176	3177484	309						
3349	6833	3177685	3177527	159	gp:AF121000_8	Corynebacterium glutamicum strain 22243 R-plasmid pAG1	92.5	96.2	53	IS1628 transposase
3350	6834	3178560	3178114	447	sp:THI2_ECOLI	Escherichia coli K12 thi2	39.0	74.0	100	thioredoxins
3351	6835	3178611	3178874	264						
3352	6836	3179051	3180394	1344	sp:PCAK_PSEPU	Pseudomonas putida pcaK	27.1	60.1	421	4-hydroxybenzoate ransporter
3353	6837	3181106	3180948	159						
3354	6838	3181128	3180553	576	sp:YQJI_ECOLI	Escherichia coli K12 yqiJ	35.1	62.5	208	
3355	6839	3182868	3181339	1530	sp:DNA8_ECOLI	Escherichia coli K12 dna8	37.7	73.1	461	replicative DNA helicase
3356	6840	3183471	3183986	516						
3357	6841	3183929	3183480	450	sp:RL9_ECOLI	Escherichia coli K12	42.2	71.4	154	50S ribosomal protein
3358	6842	3184663	3183989	675	sp:SS8_ECOLI	Escherichia coli K12 ssb	30.6	51.5	229	single-strand binding protein
3359	6843	3184987	3184703	285	sp:RS6_ECOLI	Escherichia coli K12	28.3	78.3	92	30S ribosomal protein
3360	6844	3185259	3185119	141						
3361	6845	3185538	3185350	189						
3362	6846	3186995	3185538	1458	gp:AF187306_1	Mycobacterium smegmatis mc(2)155	41.5	68.3	480	transmembrane protein
3363	6847	3189203	3187044	2160	sp:PBPA_BACSU	Bacillus subtilis	29.1	60.1	647	penicillin-binding
3364	6848	3189654	3189298	357	sp:YOHG_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	41.1	72.0	107	

【0398】

【表 174】

第 1-174 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3365	6849	3189879	3190349	471	pir:B70912	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0042c	35.1	65.0	137	
3366	6850	3190380	3191321	942	sp:YOFF_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv219c Rv2319c_yofF	29.7	61.8	296	
3367	6851	3191356	3191850	495		Bacillus subtilis yhgC	32.4	70.4	71	
3368	6852	3192244	3191924	321	sp:YHGC_BAGSU	Escherichia coli K12	30.2	63.8	298	
3369	6853	3193203	3192268	936	sp:YDEA_ECOLI	Escherichia coli K12	31.2	64.0	433	ABC transporter, ATP- binding protein
3370	6854	3194516	3193254	1263	sp:YBJZ_ECOLI	Escherichia coli K12 ybjZ	48.9	80.1	221	ABC transporter, ATP- binding protein
3371	6855	3195205	3194516	690	sp:YBJZ_ECOLI	Escherichia coli K12 ybjZ	21.9	48.8	557	
3372	6856	3197188	3195212	1977	sp:D90915	Synechocystis sp. PCC6803 sl10141	77.8	90.0	360	
3373	6857	3197414	3198502	1089	pir:F70912	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0046c				
3374	6858	3199189	3198584	606						
3375	6859	3200688	3199204	1485						
3376	6860	3201756	3201262	495	sp:DPS_ECOLI	Escherichia coli K12 dps	37.7	64.9	154	dna protection during starvation protein
3377	6861	3201902	3202714	813	sp:FPG_ECOLI	Escherichia coli K12 fpg	28.4	55.6	268	formamidopyrimidine-DNA glycosylase
3378	6862	3202954	3204102	1149	sp:RTGB_ECOLI	Escherichia coli K12	47.5	66.6	404	
3379	6863	3204158	3204730	573						
3380	6864	3205206	3204733	474	sp:MGMT_HUMAN	Homo sapiens mgt	38.0	63.3	166	metylated-DNA--protein- cysteine
3381	6865	3206234	3205224	1011	sp:QOR_CAVPO	Cavia porcellus (Guinea pig) qor	33.3	63.6	231	quinone oxidoreductase (NADPH:quinone)
3382	6866	3206648	3206758	111						
3383	6867	3206851	3208026	1176	sp:YDEA_ECOLI	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0191_ydeA	26.4	66.3	398	

【0399】

【表 175】

第 1-175 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7≡/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3384	6868	3208281	3209456	1176	gpc:AF234535_1	Corynebacterium melassecola (glutamicumとして分類)	99.7	99.5	392	malate oxidoreductase [NAD] (malic enzyme)
3385	6869	3211188	3209707	1482	sp:GNTK_BACSU	Bacillus subtilis gntK	24.5	53.7	486	luconokinase (gluconate kinase)
3386	6870	3211838	3211248	591	sp:VANZ_ENTFC	Enterococcus faecium vanZ	27.8	60.4	169	teicoplanin resistance protein
3387	6871	3212430	3211906	525	sp:VANZ_ENTFC	Enterococcus faecium vanZ	27.0	159.0	159	teicoplanin resistance protein
3388	6872	3212590	3213933	1344	sp:NERA_STAAU	Staphylococcus aureus merA	29.9	65.6	448	mercury (II) reductase
3389	6873	3215165	3213936	1230	sp:DADA_ECOLI	Escherichia coli K-12 dada	27.3	54.5	444	D-amino acid dehydrogenase small
3390	6874	3216761	3215259	1503						
3391	6875	3217217	3216888	330						
3392	6876	3217241	3217330	90						
3393	6877	3217779	3217459	321						
3394	6878	3217995	3218603	609	sp:NOX_THETH	Thermus thermophilus	25.8	55.2	194	NADH dehydrogenase
3395	6879	3218779	3219702	924	sp:SYL_BACSU	Bacillus subtilis syl	47.7	68.1	943	leucyl-tRNA synthetase
3396	6880	3222635	3219780	2856	sp:YBAN_ECOLI	Escherichia coli K-12	40.4	40.4	104	
3397	6881	3222724	3223152	429	sp:WAPI_BACNO	Dichelobacter nodosus wapi	55.8	81.4	86	virulence-associated protein I
3398	6882	3223447	3223091	357						
3399	6883	3224716	3223994	723	sp:SCC54_19	Streptomyces coelicolor SCC54.19	31.6	53.8	247	homoprotocatechuate catabolism bifunctional isomerase/decarboxylase
3400	6884	3225556	3224720	837	sp:HPCE_ECOLI	Escherichia coli K12 hpce	28.5	50.3	298	[2-hydroxyhepta-2,4- diene-1,7-dioate isomerase: 5- carboxymethyl-2-oxo- hex-3-ene-1,7-dioate

【0400】



【表 1 7 6】

第 1 - 176 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7s/酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3401	6885	3226689	3225565	1125	gp:AF173167_1	<i>Pseudomonas alcaligenes</i> xlnE	34.2	64.3	339	gentisate 1,2-dioxygenase
3402	6886	3227691	3226912	780	sp:K08R_ERWCH	<i>Pectobacterium chrysanthemi</i> kgdR	25.3	60.7	229	pectin degradation repressor protein
3403	6887	3227726	3229081	1356	sp:PCAK_PSEPU	<i>Pseudomonas putida</i> pcak	27.5	60.8	454	4-hydroxybenzoate transporter
3404	6888	3229121	3230446	1326	prf:1706191A	<i>Pseudomonas putida</i>	28.2	49.4	476	salicylate hydroxylase
3405	6889	3232306	3231056	1251	sp:EAT2_HUMAN	<i>Homo sapiens</i> eat2	25.4	54.4	507	excitatory amino acid transporter2
3406	6890	3232598	3233107	510	pir:JC2326	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ORF1	99.4	99.4	170	tryptophan-specific permease
3407	6891	3233422	3233252	171						
3408	6892	3233405	3235582	2178	sp:TRPE_BRELA	<i>Brevibacterium lactofermentum</i> trpE	99.2	99.8	515	anthranilate synthase component 1
3409	6893	3235605	3236648	1044	sp:TRPD_CORGL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 21850 trpD	99.4	99.4	348	anthranilate phosphoribosyltransferase
3410	6894	3236644	3238065	1422	sp:TRPC_BRELA	<i>Brevibacterium lactofermentum</i> trpC	97.3	98.3		indole-3-glycerol phosphate synthase (lGPS); N-(5'-phosphoribosyl)anthranilate
3411	6895	3238085	3239335	1251	sp:TRPB_BRELA	<i>Brevibacterium lactofermentum</i> trpB	97.6	97.9	417	tryptophan synthase
3412	6896	3239335	3240180	846	sp:TRPA_BRELA	<i>Brevibacterium lactofermentum</i> trpA	95.4	96.5	283	tryptophan synthase alpha chain
3413	6897	3241860	3240322	1539	gp:SCJ21_17	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	66.6	86.8	521	integral membrane protein
3414	6898	3242697	3241888	810	sp:PTXA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 ptxA	30.3	71.7	152	unknown pentitol phosphotransferase enzyme II, A component
3415	6899	3242863	3243768	906	sp:NUSF_PSEST	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	32.5	63.6	305	copper transport ATP-binding protein

【0 4 0 1】

【表 177】

第 1-177 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3416	6900	3243768	3245351	1584	ap:SCH10_12	Streptomyces coelicolor A3(2)	25.2	57.2	547	ABC transporter membrane-spanning
3417	6901	3245326	3245775	450	sp:UCR1_CHLLT	Chlorobium limicola petC	32.5	63.6	305	cytochrome B6-F complex iron-sulfur subunit (Rieske iron-sulfur protein)
3418	6902	3246940	3245831	1110	sp:NAD0_THEBR	Thermoanaerobacter brockii nad0	33.3	64.3	336	NADH oxidase
3419	6903	3247243	3248214	972	sp:YFEH_ECOLI	Escherichia coli K12	43.6	74.7	328	
3420	6904	3248401	3249174	774	gp:SC111_36	Streptomyces coelicolor A3(2)	34.0	54.6	262	
3421	6905	3249543	3249196	348	pir:A29606	Streptomyces coelicolor Plasmid	45.1	79.4	102	methylenomycin A resistance protein
3422	6906	3249660	3250751	1092	sp:NAD0_THEBR	Thermoanaerobacter brockii nad0	33.4	64.3	347	NADH oxidase
3423	6907	3250767	3251414	648	sp:YMY0_YEAST	Saccharomyces cerevisiae ymy0	31.4	69.5	226	
3424	6908	3251627	3251475	153						
3425	6909	3251943	3251752	192						
3426	6910	3252309	3252142	168						
3427	6911	3252780	3252652	129						
3428	6912	3252737	3253489	753	sp:BUDC_KLETE	Klebsiella terrigena budC	26.9	52.9	238	acetoin(diacetyl) reductase (acetoin dehydrogenase)
3429	6913	3253569	3253748	180	sp:YY34_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2094c	53.5	84.5	58	20S proteasome structural genes
3430	6914	3255191	3253833	1359	DTPT_LAGLA	Lactococcus lactis subsp. lactis dtp1	34.5	71.6	469	di-tripeptide transporter
3431	6915	3255558	3255728	171						
3432	6916	3256307	3255753	555	sp:ACRR_ECOLI	Escherichia coli K12	26.1	50.5	188	transcription regulator
3433	6917	3257382	3256480	903	sp:CATA_ACICA	Acinetobacter calcoaceticus catA	31.7	62.2	246	hydroxyquinol 1,2- dioxygenase
3434	6918	3258500	3257412	1089	sp:TCBF_PSESQ	Pseudomonas sp. P51	43.0	75.5	351	maleylacetate reductase

【0402】

【表178】

第1-178表

配列番号 (填基)	配列番号 (72/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3435	6919	3260093	3258570	1524	sp:XYLE_ECOLI	Escherichia coli K12 xyle	31.4	58.3	513	D-xylose-proton symporter (D-xylose)
3436	6920	3260056	3260145	90						
3437	6921	3261138	3261998	861	sp:ICLR_SALTY ICLR	Salmonella typhimurium ICLR	25.7	60.7	280	acetate operon repressor
3438	6922	3262154	3263230	1077	sp:YD6J_ECOLI	Escherichia coli K12	27.2	55.7	357	oxidoreductase
3439	6923	3263246	3264124	879	gsp:W61761	Listeria innocua strain 4450	25.9	58.2	270	diagnostic fragment protein sequence
3440	6924	3264151	3265155	1005	sp:W12D_BACSU	Sinorhizobium meliloti idHA	26.5	59.6	332	myo-inositol 2- dehydrogenase
3441	6925	3265193	3266275	1083	sp:STRI_STRGR stri	Streptomyces griseus stri	34.1	62.4	343	streptomycin biosynthesis protein
3442	6926	3267071	3271102	4032	pir:C70044	Bacillus subtilis strain 168 yvnB	33.3	62.7	1242	phosphoesterase
3443	6927	3271401	3272486	1086						
3444	6928	3274083	3272572	1512	prf:2501295A	Corynebacterium glutamicum ATCC13032	99.8	100.0	504	glucoamylase S1/S2 precursor
3445	6929	3275240	3274497	744	sp:UNC1_CAEEL	Caenorhabditis elegans unc1	28.6	57.3	206	
3446	6930	3275598	3275702	105						
3447	6931	3276579	3275611	969						
3448	6932	3281608	3276680	4929	gsp:W6018605_3	Mycobacterium bovis BCG RD1-Rv2024c	58.4	80.2	1660	
3449	6933	3281669	3281809	141						
3450	6934	3282181	3281675	507	prf:2323363AAM	Mycobacterium leprae u2266k	34.8	61.0	141	
3451	6935	3282955	3282356	600	sp:THID_BACSU	Bacillus subtilis thid	50.4	76.8	125	phosphomethylpyrimidine kinase
3452	6936	3282751	3283110	360						
3453	6937	3283150	3283392	243	pir:F70041	Bacillus subtilis yvgY	46.3	70.1	67	mercuric ion-binding protein
3454	6938	3284318	3283482	837	gsp:Y12537	Corynebacterium glutamicum prop	29.9	62.3	297	ectoine/Pro uptake protein

【0403】

【表 179】

第 1-179 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (75/塩)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3455	6939	3285364	3284408	957	sp:FE08_EC0L1	Escherichia coli K12 fecB	29.4	60.6	279	iron(III) dicitrate- binding periplasmic protein precursor
3456	6940	3285464	3286585	1122	sp:WRF1_SCHPO	Schizosaccharomyces pombe mrfl	27.2	58.0	324	mitochondrial respiratory function
3457	6941	3286631	3287014	384						
3458	6942	3287306	3287088	219						
3459	6943	3288199	3287402	798	sp:THID_BACSU	Bacillus subtilis thid	46.2	75.5	249	phosphomethylpyrimidine kinase
3460	6944	3288274	3288618	345						
3461	6945	3288694	3288894	201	pir:F70041	Bacillus subtilis yvgY	41.8	70.1	67	mercuric ion-binding protein
3462	6946	3289324	3288980	345	sp:AZLD_BACSU	Bacillus subtilis azlD	36.3	65.7	102	branched-chain amino acid transport
3463	6947	3290030	3289320	711	sp:AZLC_BACSU	Bacillus subtilis azlD	32.1	67.0	212	branched-chain amino acid transport
3464	6948	3290600	3290034	567	sp:Y06E_EC0L1	Escherichia coli K12	23.7	56.2	169	
3465	6949	3291951	3290632	1320	sp:CCA_EC0L1	Escherichia coli K12 cca	26.8	51.8	471	tRNA nucleotidyltransferase
3466	6950	3292891	3292619	273						
3467	6951	3292541	3293506	966	pir:E70600	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3908	43.6	69.2	234	
3468	6952	3293506	3296016	2511	pir:F70600	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3909	25.8	54.3	858	
3469	6953	3296165	3299413	3249	pir:G70600	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3910	35.7	60.1	1201	
3470	6954	3299670	3300272	603	sp:RPSH_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa algU	30.2	60.9	189	RNA polymerase sigma-H factor
3471	6955	3301312	3300128	1185						
3472	6956	3300380	3301330	951	sp:TRXB_STRCL	Straptomyces clavuligerus trxB	60.4	82.5	308	thioredoxin reductase

【0404】

【表180】

第1-180表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3473	6957	3301367	3301738	372	sp:THI2_CHLRE	Chlamydomonas reinhardtii thi2	42.0	76.5	119	thioredoxin chl2, H-type, chloroplast
3474	6958	3301764	3303005	1242	sp:CWLB_BACSU	Bacillus subtilis cwlb	51.0	75.4	196	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase
3475	6959	3303625	3303008	618	pir:D70851	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3916c	34.4	58.5	212	
3476	6960	3303572	3303664	93						
3477	6961	3304796	3303645	1152	sp:YG12_PSEPU	Pseudomonas putida	37.6	60.5	367	
3478	6962	3305680	3304844	837	sp:YG11_PSEPU	Pseudomonas putida	46.5	77.2	254	
3479	6963	3305794	3305892	99						
3480	6964	3306541	3305873	669	sp:G1DB_ECOLI	Escherichia coli K12 gidB	36.0	64.7	153	glucose inhibited division protein B
3481	6965	3307641	3306691	951	pir:A70852	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3921c	44.7	75.4	313	
3482	6966	3308378	3307980	399	sp:RNPA_BACSU	Bacillus subtilis rnpA	26.8	59.4	123	ribonuclease P protein component
3483	6967	3309052	3308831	222						
3484	6968	3309037	3309330	294						
3485	6969	3309391	3309248	144						

【0405】

## 【発明の効果】

本発明により、コリネバクテリウム (*Corynebacterium*) 属に属する微生物由来のポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチド、該ポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチドを固着したDNAアレイ、ポリヌクレオチドにコードされるポリペプチド、該ポリペプチドを認識する抗体、該抗体を固着したポリペプチドアレイ

イ、該ポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチドの塩基配列を記録したコンピュータで読みとり可能な記録媒体および該記録媒体を用いるコンピュータに基づくシステムを提供することができる。

【0406】

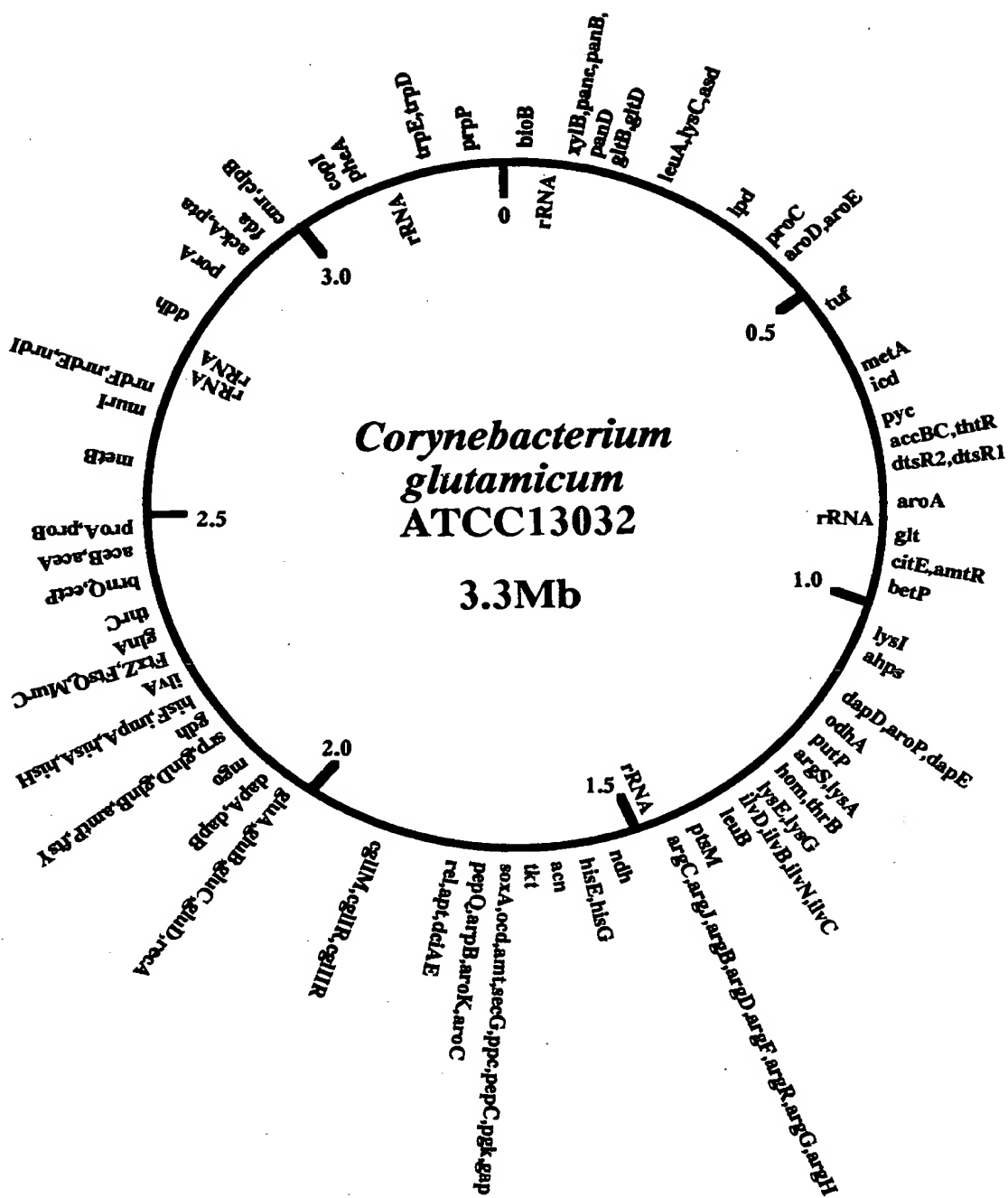
【配列表】

【図面の簡単な説明】

【図1】 代表的な遺伝子の位置を示したコリネバクテリウム・グルタミクム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC13032株ゲノムのマップを示す。

【書類名】 図面

【図 1】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】

本発明の目的は、産業上有用なコリネバクテリウムに属する微生物由来のポリヌクレオチドおよびポリペプチド、該ポリヌクレオチドおよびポリペプチドの配列情報、該微生物の解析方法、該解析に用いる装置およびシステム、および該微生物の育種法を提供することにある。

【解決手段】

本発明は、コリネバクテリウム (Corynebacterium) 属に属する微生物由来のポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチド、該ポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチドを固着したDNAアレイ、ポリヌクレオチドにコードされるポリペプチド、該ポリペプチドを認識する抗体、該抗体を固着したポリペプチドアレイ、該ポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチドの塩基配列を記録したコンピュータで読みとり可能な記録媒体および該記録媒体を用いるコンピュータに基づくシステムを提供する。

【選択図】 なし



出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[000001029]

1. 変更年月日 1990年 8月 6日

[変更理由] 新規登録

住 所 東京都千代田区大手町1丁目6番1号

氏 名 協和醗酵工業株式会社